Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC®)

B e n u t z e r h a n d b u c h

Herausgeber:

Clem McDonald, M. D.; Stan Huff, M. D.; Daniel J. Vreeman, PT, DPT; Kathy Mercer, Jo Anna Hernandez

Aktualisiert im Januar 2009

Anmerkungen und Fragen bitte an:

USA	**Deutschland**
LOINC c/o Regenstrief Institute, Inc 1050 Wishard Boulevard 410 West 10th St. Suite 2000 Indianapolis, IN 46202	DIMDI Deutsches Institut für Medizinische Dokumentation und Information Waisenhausgasse 36-38a 50676 Köln
oder per E-Mail an : loinc@regenstrief.org	loinc@dimdi.de

Das vorliegende Dokument in seiner englischen Originalfassung und auch weitere, wichtige Informationen finden Sie unter nachstehender Internetadresse:

http://www.loinc.org

Liste der Dateien zu diesem Handbuch:

Beschreibung	**Format**	**Dateiname**
LOINC-Datenbank	MDB	LOINCDB.MDB
LOINC-Datenbank	ASCII	LOINCDB.TXT
LOINC-Handbuch	PDF	LOINCManual.pdf
RELMA-Programm		Setup.exe
RELMA-Dokumentation	PDF	RELMAManual.pdf

Übersetzung vom Englischen ins Deutsche im Auftrag des Deutschen Instituts für Medizinische Dokumentation und Information (DIMDI) durch:

Friedrich-Alexander-Universität Erlangen Nürnberg; Erlangen
Caroline Heubeck, Dr. Immo Fiebrig, Dr. Manfred Criegee-Rieck

Versionspflege der deutschen Übersetzung durch das **DIMDI**
Dr. Sylvia Thun

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....iii

Tabellenverzeichnis.....vii

LOINC-Copyrightvermerk und -Lizenzbestimmungen.....ix

Vorwort und Einleitung.....xv

Danksagungen.....xix

1. Ziele.....21

Erfolge.....22
1.1 Was nicht im Namen enthalten ist.....23
1.2 Anwendungsbereich des vorliegenden Dokumentes.....24

2. Hauptbestandteile der Test- und/oder Untersuchungsbezeichnung.....27

2.1 Allgemeine Konventionen in der Namensgebung.....28
2.1.1 Namensabkürzungen von Komponenten oder Analyten.....28
2.1.2 Allgemeine Regeln bei der Bezeichnung von Komponenten (Analyten) in den VSB.....29
2.1.3 Die Zeichensetzung in Analyt-Namen.....32
2.1.4 Groß- und Kleinschreibung.....32
2.1.5 Römische und arabische Zahlen.....33
2.2 Komponenten/Analyt – 1. Teil.....33
2.2.1 Benennung des Analyts – 1. Unterteilung.....33
2.2.2 Challenge-Tests – 2. Unterteilung (Belastungs- und Toleranztests).....34
2.2.3 Anpassungen/Korrekturen – 3. Unterteilung.....40
2.2.4 Unterscheidung multipler Werte über den Laborwertnamen – 4. Unterteilung.....41
2.3 Art der Eigenschaft, auch „Art der Menge“ genannt – 2.Teil.....41
2.4 Zeit-Aspekt: Zeitpunkt, Moment versus Zeitraum – 3. Teil.....48
2.4.1 Zeit-Aspekt-Modifikator.....50
2.5 System- (Proben-) Typ (4. Teil).....50
2.5.1 Das Super-System – 2. Sub-Unterteilung.....54
2.6 Der Skalen-Typ - 5. Teil des LOINC Namens.....54
2.7 Methoden-Typ – 6. Teil.....56
2.7.1 DNS/RNS–Gensonden/Messungen.....58
2.7.2 Immun-Fluoreszenz (IF).....59
2.7.3 Immun-Färbung.....59
2.7.4 Enzym-Immunoassay (EIA).....59
2.7.5 Gerinnung.....60
2.7.6 Färbungen.....60
2.7.7 Klinische Messungen.....60
2.7.8 Bildgebende Verfahren.....60
2.8 Kurznamen und angepasste Namen.....60
2.9 Langnamen.....61

3. Sonderfälle....63
3.1 Befunde als Variablen oder als Werte....63
3.1.1 Binär-Darstellung....63
3.1.2 Multiple-Choice-Darstellung....63
3.2 Blut-Bank....64
3.2.1 Die Binär-Dokumentation....64
3.2.2 Die Multiple-Choice-Dokumentation....65
3.3 Immunkompetenz-Studien – Durchflusszytometrie....65
3.4 Allgemeines zu mikrobiologischen Befundergebnissen....66
3.5 Antibiotika-Empfindlichkeiten....68
3.6 Zell-Zählungen....69
3.7 Haut-Tests....70
3.8 Toxikologie – Drogenmissbrauchs: Screening und Nachweis....70
3.8.1 Toxikologische Wirkstoff-Gruppen....71
3.8.2 Schwellenwerte – Cutoffs....73
3.8.3 Darstellung der Screening- und Nachweis-Methode....74
3.8.4 Individuelle Wirkstoff-/Metabolit-Testergebnisse....74
3.8.5 Weitere Aspekte der Bezeichnung....75
3.8.6 Zusammenfassung....75
3.9 LOINC-Bezeichnungen in der Molekular-Genetik....75
3.9.1 Einleitung....75
3.9.2 Terminologie....76
3.9.3 Allgemeine Regeln zur Namensgebung in der Molekulargenetik....77
3.9.4 Infektionskrankheiten....78
3.9.5 Genetische Erkrankungen....79
3.9.6 Trinukleotid-Wiederholungen....81
3.9.7 Haematopathologische Gen-Umordnungen....82
3.9.8 Translokationen 82
3.9.9 Identitäts-Testung....83
3.9.10 Tumor-Relationen/Tumor-Genetik....84
3.10 Allergie-Testung....85

4. Klinische Beobachtungen und Messungen 87
4.1 Einleitung....87
4.2 Atomar versus molekular (vorab definierte Bezeichnungen)....90
4.3 Radiologische Verfahren....91
4.3.1 Diagnostische radiologische Verfahren....91
4.3.2 Interventionelle (invasive) bildgebende Verfahren....98

5. Tumor-Register....99

6. Abrechnungsbelege als Anhänge....101

7. HL7/LOINC-Dokumententypen und zugehörige Vokabularien 103
7.1 Einsatz von Kodes für Dokumententypen in HL7-Nachrichten....103
7.2 Bezug/Zusammenhang mit anderen Terminologien....104
7.3 Die Elemente der Dokumenten-Kodes....104
7.4 Regeln zum Zusammenstellen “klinischer Vermerke” mit mehreren Komponenten....116
7.5 Künftige Projekte....117

8. Laborwert Testreihen.....119
8.1 Ziele.....120
8.2 Reflektive (Reflex-) Tests.....121
8.3 Berechnete oder abgeleitete Ergebnisse.....121
8.4 Assoziierte Beobachtungen.....121
8.5 LOINC-Regelungen zur Darstellung der Bezeichnungen für Profilanforderungen.....122

9. Richtlinien für die Erfassung der Inhalte.....125
9.1 Ziele und Methoden.....125
9.2 Sammlungen von Anforderung oder Beobachtung.....125
9.3 LOINC Skala für Sammelbegriffe.....126
9.4 Beispiele für die zukünftigen Änderungen.....126

10. Standard-Erhebungen.....129
10.1 Übertragung von konsolidierten Gesundheitsinformationen.....129
10.2 LOINC-Darstellung.....130
10.2.1 Structured answer lists.....130

Anhang A – LOINC Datenbank-Struktur.....131

Anhang B – Klassen (Klassifizierungen).....134

Anhang C – Berechnung der modulo10 Kontroll-Ziffer.....141

Anhang D – Verfahren für Ergänzungs- bzw. Änderungsanträge.....143
Einleitung.....143
Einige Anmerkungen bevor Sie fortfahren 143
Die Erstellung eines Antrages mit Microsoft Excel.....151
Erstellung eines Antrages mit Hilfe von RELMA.....153

Appendix F – Akronyme.....177

Appendix H - LOINC-Komiteemitglieder.....181

Literaturverzeichnis.....184

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Hierarchischer Aufbau der VSB (LOINC Name) von Analyten.....27
Tabelle 2: Beispiele für Abkürzungen in Namenskomponenten 28
Tabelle 3: Beispiele für Groß- und Klein-Schreibung.....32
Tabelle 4: Beispiele für Zeitraumangaben für Post-Challenges.....34
Tabelle 5: Beispiele für Zeitraumangaben für Post-Challenges.....36
Tabelle 6: Beispiele für Darreichungsformen und Art der Anwendung für den Challengetest-Teil (aus HL7, V. 2.3, Kapitel 4).....37
Tabelle 7: Beispiele für die Natur der Belastung/Toleranz.....38
Tabelle 8:Beispiele für LOINC Eigenschaften.....43
Tabelle 9: Beispiele für Kategorien der Zeit.....49
Tabelle 10: Kodes für die Zeitaspekt-Modifikatoren.....50
Tabelle 11: Beispiele zu Laborsystem-Kodes für Art der Probe 52
Tabelle 12: Skalen-Typ.....54
Tabelle 13: Abkürzungen der Methoden.....57
Tabelle 14A: Beispiele für spezifische Methoden mit Target-Amplifikation DNS und RNS.....59
Tabelle 14B: Beispiele für spezifische Methoden - in LOINC als Signalamplifikationsmethoden ...59
Tabelle 15: Beispiele für Kultur-Ergebnisse.....68
Tabelle 16: Methoden bei Wirkstoff- Suszeptibilität.....69
Tabelle 17: Drogenmissbrauch – Methoden 70
Tabelle 18: Drei Möglichkeiten, den Locus eines Gendefektes zu identifizieren.....77
Tabelle 19: Anfangsbuchstaben der Aminosäuren-Kodes.....78
Tabelle 20: Aktuelle Begrifflichkeiten des LOINC im Bereich Klinik.....88
Tabelle 21: Beispiele für präkoordinierte Begriffe.....90
Tabelle 22: Beispiele für klinische Dokumententypen.....103
Tabelle 23: Beispiele für Anforderungssets.....119
Tabelle 24: Beschreibung einiger LOINC-Profile (Anforderungsnamen).....123
Tabelle 25: Beispiele für eingereichte Änderungswünsche.....126
Tabelle 26: Klassifizierungen klinischer Begriffe (Klassen).....134
Tabelle 27: Beispiel-Antrag.....145
Tabelle 28: MS Access Datenfeldnamen für Anträge.....145
Tabelle 28b: Daten, die durch Regenstrief eingefügt werden (freibleibend im Antrag).....147

LOINC-Copyrightvermerk und -Lizenzbestimmungen

Die LOINC®-Kodes die LOINC-Tabellen (unabhängig vom Format), die LOINC®-Abgabebedingungen, die Änderungsdateien, das Benutzerhandbuch und die LOINC®-Datenbank unterliegen dem Copyright © 1995-2009 des *Regenstrief Institute, Inc*. und des Komitees zu „*Logical Observation Identifiers Names and Codes*“ (LOINC). Alle Rechte vorbehalten.

Die Software RELMA®, die RELMA®-Datenbank (mit Ausnahme der LOINC®-Kodes und LOINC® -Tabellen sowie den zugehörigen, darin enthaltenen Dateien, welche dem oben stehenden Copyright unterliegen) und die RELMA® Abgabebedingungen, das RELMA®-Benutzerhandbuch unterliegen dem Copyright © 1995-2009 des *Regenstrief Institute*, Inc. Alle Rechte vorbehalten.

Die Dateien “LOINC® panels and forms file” und “LOINC® hierarchies file” unterliegen dem Copyright © 1995-2009 des *Regenstrief Institute*, Inc. Alle Rechte vorbehalten. LOINC® und RELMA sind eingetragene Warenzeichen des *Regenstrief Institute, Inc*.

Unter den nachstehenden Bedingungen wird die dauerhafte Genehmigung ausgesprochen, das Programm RELMA®, die RELMA®-Datenbank, die RELMA®-Abgabebedingungen, das RELMA®-Benutzerhandbuch, die LOINC®-Kodes, das LOINC®-Benutzerhandbuch, die LOINC®-Datenbank sowie die LOINC® -Tabellen (in allen Formaten), LOINC® - Abgabebedingungen, LOINC® - Änderungsdateien, die Dateien “LOINC® panels and forms file” und “LOINC® hierarchies file” (das lizensierte Material) und zugehörige Dateien ohne Zahlung von Lizenzgebühren für kommerzielle oder nicht-kommerzielle Zwecke zu verwenden, diese zu kopieren oder zu verteilen.

1) Damit die Zielsetzung erhalten bleibt, nämlich dass die LOINC®-Kodes und die LOINC®-Datenbank als ein einheitlicher Standard bei der Identifizierung klinischer Information im elektronischen Datenaustausch zur Verfügung steht, ist es Anwendern nicht gestattet, das irgendwelche der lizenzierten Materialien und Dateien dazu zu verwenden, einen weiteren Standard zur Identifizierung von Patientenbeobachtungen, wie die Bezeichnung von Laboranalysen, andere Diagnosenergebnissen, klinischen Beobachtungen und Messungen, klinische Berichte und diagnostische Dienstleistungen, Felder, Formulare und aggregierte Daten dieser Beobachtungen und andere Untersuchungen für elektronische Berichterstattungen oder Nachrichten sowie Ordnungssysteme zu entwickeln oder zu erarbeiten.

2) Entscheidet sich der Anwender die Software RELMA® zu benutzen, so erhält er die komplette RELMA®-Datenbank mitsamt der RELMA®-Software, einschließlich der LOINC®-Tabellen und anderer Datenbanktabellen, welche Teil der RELMA®-Datenbank sind. Der Anwender darf die LOINC®-Tabellen neben der Nutzung innerhalb des RELMA®-Programmes auch isoliert nutzen und diese, soweit hierin zulässig, verändern. Anwendern ist es ohne schriftliche Genehmigung durch das *Regenstrief Institute Inc*. untersagt, die anderen Datenbanktabellen der RELMA®-Datenbank zu nutzen oder zu verändern. Zum Erlangen einer schriftlichen Genehmigung setzen Sie sich bitte mit loinc@regenstrief.org in Verbindung.

3) Die Bedeutung der LOINC®-Kodes darf keinesfalls durch die Anwender verändert werden. Auch der Name, oder der Inhalt einzelner Datenfelder darf nicht geändert werden. Allerdings ist es gestattet durch neue Datenfelder die LOINC®-Tabelle zu erweitern und so weitere Information zur LOINC®-Dokumentation hinzuzufügen. Inhalt und Struktur der

LOINC Panels und Forms dürfen nicht verändert werden. Sollten jedoch Inkonsistenzen bestehen und Korrekturen erforderlich sein, kontaktieren Sie bitte das Regenstrief Institut loinc@regenstrief.org.

4) Um den lokalen Erfordernissen zu entsprechen, ist es dem Anwender möglich, Datensätze aus der LOINC®-Datenbank zu löschen oder neue einzufügen. Er muss allerdings sicherstellen, dass beim Erfassen jedes neuen Datensatzes in das Feld # 1 LOINC_NUM ein alphabetisches „X“ zur Kennzeichnung vorangestellt wird. So können die zusätzlichen Datensätze und Kodes nicht mit den vorhandenen oder künftigen, in späteren Versionen der LOINC®-Datenbank nachgetragenen LOINC®-Kodes, verwechselt werden. In der originalen LOINC®-Tabellen des *Regenstrief* Institutes und des LOINC®-Ausschusses sind diese, durch den Anwender gelöschten oder zusätzlichen eingegebenen Kodes zur Anpassung an seine lokalen Erfordernisse, nicht enthalten. Damit aber die Anzahl von „X“-Kodes so gering wie möglich bleibt, werden die Anwender gebeten, die in Frage kommenden Kodes bei LOINC® einzureichen, damit sie als neue LOINC®-Datensätze aufgenommen werden können.

5) Die LOINC®-Kodes und alle weiteren Informationen aus der LOINC®-Tabelle dienen in der elektronischen Nachrichtenübermittlung von Laboruntersuchungsergebnissen und klinischen Befunden z.B. in HL7-ORU-Nachrichten. Der vorliegende Copyrightvermerk oder auch der Hinweis darauf müssen in diesen Nachrichten nicht enthalten sein. (Ebenso ist es nicht erforderlich, dass alle in Punkt 7 des vorliegenden Dokumentes aufgeführte Felder mit einbezogen werden. Es ist nicht zwingend erforderlich, aber wenn ein LOINC-Kode (LOINC-NUM-Datenfeld) in der Mitteilung erscheint, werden Anwender gebeten, die entsprechende LOINC®-Kurzbezeichnung (SHORTNAME-Datenfeld) oder die LOINC-Namen vom „LONG COMMON NAME“ – Feld zur Textdarstellung des Kodes mit aufzuführen – vorausgesetzt dass die Mitteilung auch eine Stelle dafür vorsieht.

6) Anwender können uneingeschränkt das lizenzierte Material in unveränderter Form vervielfältigen und verteilen. Jede Kopie hiervon muss den vorliegenden Copyrightvermerk und die dazugehörige Lizenz beinhalten. Die zugehörigen Versionsnummern bzw. das Releasedatum sind anzugeben. Dieser Copyright-Vermerk und die Lizenzerklärung müssen in jeder ausgedruckten Kopie des lizenzierten Materials durch ein festes Speichermedium weitergegeben werden (Diskette oder CD-ROM), muss der Copyrightvermerk schriftlich auf oder in dem Speichermedium festgehalten werden. Zusätzlich ist eine Textdatei mit vorliegender Information auf dem Speichermedium unter der Datei „license.txt“ abzuspeichern. Bei einer Übertragung des lizenzierten Materials durch das Internet und auch in abgedruckter Form, muss der Copyrightvermerk und die Lizenzbestimmung auf der gleichen Internetseite abrufbar sein, von der aus ein Download der Datenbank vorgenommen wird. Das LOINC und das RELMA-Handbuch dürfen nicht verändert oder in Auszügen publiziert werden ohne das schriftliche Einverständnis des Regenstrief Institute, Inc.. Das Regenstrief Institute behält alle Rechte an den geänderten Handbüchern.

7) In Bezug auf Teil 1 und in Bezug auf weitere Einschränkungen, die sich daraus ergeben, ist es dem Anwender gestattet, Auszüge aus der LOINC®-Tabelle, LOINC Panels, Forms und Hierarchien in anderweitige Master-Datenbanken (z.B. Labordatenbanken) oder Softwareprogramme zu übertragen, auch wenn der Anwender bei dieser Einrichtung nicht beschäftigt ist. Es muss allerdings sichergestellt sein, dass nachfolgende Hinweise in ihrer Vollständigkeit aus der LOINC®-Tabelle in die „fremden“ Datenbanken aufge-

nommen werden: LOINC_NUM (field #1), COMPONENT (field #2), PROPERTY (field #3), TIME_ASPCT (field #4), SYSTEM (field #5), SCALE_TYP (field #6), METHOD_TYP (field #7), ANSWERLIST (field #14), STATUS (field #15), and SHORTNAME (field #39). Anwender sind dazu angehalten, entweder (1) das Feld EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE (field #43) oder (2) die Bereiche zu entfernen, welche die Coypyright-Lizenzen Dritter beinhalten. Sollten weitere Vertragspartner involviert sein, so ist es erforderlich auch diesen Copyright - Bedingungen nachzukommen. Es wird den Anwendern empfohlen, ebenso das Datenfeld RelatedNames2 (field #38) und den LONG COMMON NAME (Feld #46) in die in Frage kommende Datenbank zu übernehmen. Die o. g. Datenfelder werden im Anhang A des LOINC-Handbuches erläutert. Jeder Auszug aus der LOINC®-Tabelle, LOINC Panels, Forms und Hierarchien der in anderweitige Datenbanken einfließt oder mit ihr verteilt wird, muss folgenden Hinweis enthalten:

> "This product includes all or a portion of the LOINC® table, LOINC panels and forms file, and/or LOINC hierarchies file, or is derived from the LOINC® tableone or more of the foregoing, subject to a license from Regenstrief Institute, Inc. Your use of the LOINC table and, LOINC codes, LOINC panels and forms file, and LOINC hierarchies file also is subject to this license, a copy of which is available at http://loinc.org/terms-of-use. The current complete LOINC table and , LOINC Users' Guide, LOINC panels and forms file, and LOINC hierarchies file are available for download at http://loinc.org. The LOINC table and LOINC codes are copyright © 1995-2009, Regenstrief Institute, Inc. and the Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) Committee. The LOINC panels and forms file and LOINC hierarchies file are copyright © 1995-2009, Regenstrief Institute, Inc. All rights reserved. THE LOINC TABLE (IN ALL FORMATS) IS), LOINC PANELS AND FORMS FILE, AND LOINC HIERARCHIES ARE PROVIDED "AS IS." ANY EXPRESS OR IMPLIED WARRANTIES ARE DISCLAIMED, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. LOINC® is a registered United States trademark of Regenstrief Institute, Inc. A small portion of the LOINC table may include content (e.g., survey instruments) that is subject to copyrights owned by third parties. Such content has been mapped to LOINC terms under applicable copyright and terms of use. Notice of such third party copyright and license terms would need to be included if such content is included."

Ein Anteil der LOINC Tabellen könnte evtl. Inhalte Dritter mit entsprechenden unternehmenseigenen Copyrightbedingungen beinhalten. Diese Inhalte wurden unter Einhaltung der Copyright- und Nutzungsbedingungen mit LOINC-Kodes gemapped. Die Anzeige der Copyright- und Nutzungsbedingungen dieser Inhalte ist, falls diese genutzt werden, erforderlich.

> **Übersetzt:** Das vorliegende Produkt enthält den Gesamtinhalt oder Auszüge aus der LOINC®-Tabelle, bzw. ist von der LOINC®-Master-Tabelle abgeleitet, die durch das *Regenstrief Institute, Inc*. in Lizenz gegeben wird. Die Nutzung der LOINC®-Master-Tabelle , der LOINC®-Kodes, LOINC Panels, Forms und Hierarchien unterliegt dieser

Lizenzbestimmung, die in Kopie unter http://loinc.org/terms-of-use.abrufbar ist. Die aktuelle, vollständige LOINC®-Master-Datenbank und die LOINC®-Kodes können unter http://www.loinc.org abgerufen werden. Die LOINC®-Master-Tabelle und die LOINC®-Kodes, LOINC Panels, Forms und Hierarchien sind urheberrechtlich mit dem Vermerk Copyright © 1995-2009, durch das *Regenstrief Institute, Inc*. und das LOINC-Komitee (*Logical Observation Identifiers Names und Codes-Committee*) registriert. Alle Rechte vorbehalten. DIE LOINC®-MASTER-TABELLE IST "WIE SIE IST" VERFÜGBAR. GARANTIEN, DIE ENTWEDER EXPLIZIT ZUM AUSDRUCK GEBRACHT ODER ANGEDEUTET WERDEN, SIND AUSGESCHLOSSEN, EINSCHLIESSLICH UND NICHT NUR AUSSCHLIESSLICH IMPLIZIERTE GARANTIEN IM ZUGE DES WIRTSCHAFTLICHEN HANDELS UND FÜR ZWECKE ALLER ART. LOINC® ist ein US-amerikanisches eingetragenes Warenzeichen des *Regenstrief Institute, Inc*."

Sobald die Labortest-Datenbank oder die entsprechende Software mit Inhalten des lizenzierten Materials versehen und mit einer schriftlichen Lizenzbestimmung verteilt wird, muss in der schriftlichen Lizenzbestimmung dieser Vermerk enthalten sein. Sollte die o. g. Verteilung durch ein festes Speichermedium vorgenommen werden, muss eine Textdatei mit dieser Information unter dem Namen „LOINC_short_license.txt" gespeichert werden. Bei einer Verteilung über das Internet muss der Vermerk auf der gleichen Internetseite, von der aus dieses Produkt herunter geladen wird, verfügbar sein.

8) Jede Art der Nutzung und Verteilung des lizenzierten Materials die in dem vorliegenden Dokument nicht ausdrücklich aufgeführt ist, muss stets zusammen mit dem Vermerk aus Punkt 7 erfolgen. Auch die Richtlinien zur Mitführung der Lizenzbestimmung – wie im letzten Absatz von Punkt 7 festgehalten – sind anzuwenden. Anwenderfragen zum Einsatz lizenzierten Materials sind zulässig. Der Anwender wird gebeten, sich mit dem *Regenstrief-Institute* per E-Mail an loinc@regenstrief.org. in Verbindung zu setzen.

9) Sollte der Anwender den Wunsch haben, das lizensierte Material in eine andere Sprache als die Englische zu übersetzen, muss er *Regenstrief*-Institut per E-Mail an loinc@regenstrief.org benachrichtigen. Jegliche Übersetzung ist als ein Derivat der ursprünglichen Werke anzusehen und der Anwender überträgt hiermit alle Rechte über solch ein Derivat an: (1) *Regenstrief* und das LOINC-Komitee für den Fall dass die Übersetzung ein Derivat des LOINC®-Kodes, des LOINC®-Handbuches, der LOINC®-Tabellen, LOINC Panels, Forms und Hierarchien ist, und an (2) Regenstrief für den Fall dass die Übersetzung ein Derivat des Programms RELMA®, des RELMA®-Handbuches oder der RELMA®-Datenbank ist (davon ausgenommen sind Tabellen oder Dateien, die im Zusammenhang mit LOINC® stehen). Weiterhin verpflichtet sich der Anwender hinsichtlich Antragstellung und Bearbeitung von Copyrightanträgen oder anderen rechtswirksamen Dokumenten mit Regenstrief uneingeschränkt zusammenzuarbeiten. Der Anwender wird jegliche Dokumente unterschreiben (z.B. beeidigte Erklärungen, Bestimmungen und ähnliches) welche in vertretbarer Weise notwendig sind, um einen Copyrightantrag zu bearbeiten. Die Bestimmungen, welche durch diesen Punkt zugesichert sind, erstrecken sich auf alle Eigentumsrechte sowohl in den USA als auch im Ausland. Es wird hiermit kein weiteres Recht erteilt, i an den lizenzierten Materialien (außer dem Recht der Übersetzung in eine andere Sprache, die nicht Englisch ist), und Regenstrief bzw. das LOINC-Komitee behalten sich sämtliche Rechte vor, die nicht ausdrücklich hierin aufgeführt worden sind. Sämtliche Übersetzungen müssen in elektronischer Form an Regenstrief übermittelt werden, und solche Übersetzungen müssen nach denselben Richtlinien

zugänglich gemacht werden und unterliegen denselben Lizenzbestimmungen und Lizenzbeschränkungen, wie sie hier aufgeführt sind. Regenstrief verpflichtet sich, den Anwender/die Institution, welche(r) die Übersetzung geleistet hat, auf seiner Webseite (und innerhalb RELMA) anerkennend zu nennen.

10) Die Namen "*Regenstrief*", "*Regenstrief Foundation*", „*Regenstrief Institute*" und „*LOINC Committee*" dürfen nicht als Aufschrift auf oder für Werbezwecke für Produkte oder Dienstleistungen ohne schriftliche Genehmigung seitens des *Regenstrief Institute, Inc*. geführt werden. Gleiches gilt für *Regenstrief*-eigene Markenbezeichnungen. Ein Genehmigungsantrag ist an loinc@regenstrief.org zu richten.

11) Das Regenstrief Institut und das LOINC Komitee begrüßt die Einreichung und Revision von Inhalten (Begriffe, Kodes oder assoziiertes Material wie Beschreibungen oder Synonyme). Dieses Material ist Bestandteil der LOINC Submission policy. (http://loinc.org/submissions-policy).

12) **HAFTUNGSAUSSCHLUSS**: DAS REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. UND DAS LOINC-KOMITEE ÜBERNEHMEN KEINERLEI HAFTUNG FÜR AUSLASSUNGEN UND FEHLER IN DEM LIZENSIERTEN MATERIAL WELCHES VOM REGENSTRIEF INSTITUT ODER DEM LOINC KOMITEE VERFÜGBAR GEMACHT WIRD. DAS LIZENSIERTE MATERIALUND DIE HIERMIT IN ZUSAMMENHANG STEHENDEN DATEIEN WERDEN „WIE SIE SIND" BEREITGESTELLT, UNTER AUSSCHLUSS JEDER GARANTIE. AUSGESCHLOSSEN SIND WEITERHIN JEDE IMPLIZIERTE ODER AUSDRÜCKLICHE GEWÄHRLEISTUNG; EINSCHLIESSLICH, ABER NICHT DARAUF BESCHRÄNKT: DER TITEL; NICHT-REGELVERSTÖSSE; DER HANDEL MIT UND FÜR ZWECKE ALLER ART. EBENSO GARANTIEN, DIE AUS EINEM HANDELSGESCHÄFT ENTSTEHEN. EINGESCHLOSSEN SIND WEITERHIN HANDELSGESCHÄFTE UND AUCH DIE HANDELSPRAKTIKEN. WEITERHIN WIRD KEINERLEI HAFTUNG ODER VERTRETUNG ÜBERNOMMEN FÜR DIE SORGFÄLTIGKEIT, DIE VOLLSTÄNDIGKEIT, DIE REIHENFOLGE, DIE RECHTZEITIGKEIT ODER VERFÜGBARKEIT LIZENSIERTEN MATERIALS WELCHES VOM REGENSTRIEF INSTITUT ODER DEM LOINC KOMITEE VERFÜGBAR GEMACHT WIRD. I. BEI KEINERLEI VERANSTALTUNG DARF DAS REGENSTRIEF INSTITUT, INC., DAS LOINC KOMITEE ODER IHRE MITARBEITER FÜR SCHÄDEN DIREKTER, INDIREKTER, VERSEHENTLICHER, BESONDERER, BEISPIELHAFTER, VERTRAULICHER ART ODER FÜR FOLGESCHÄDEN VERANTWORTLICH GEMACHT WERDEN. DARUNTER FALLEN AUCH ANWALTSGEBÜHREN (EINSCHLIESSLICH UND UNEINGESCHRÄNKT GILT DIES EBENSO FÜR DIE ERSATZBESCHAFFUNG VON WAREN ODER DIENSTLEISTUNGEN, KOSTEN AUS NUTZUNGSVERLUSTEN DER DATEN, AUSLASSUNGEN, ODER PROFITE, BZW. UNTERBRECHUNGEN DES GESCHÄFTSABLAUFES, DURCH IRGENDEINE VERMUTETE VERBINDUNG ZU EINEM VERTRAG, ODER DER VERBINDLICHKEIT IM STRENGEN SINNE ODER DURCH UNERLAUBTE HANDLUNGEN (EINSCHLIESSLICH NACHLÄSSIGKEIT ODER ÄHNLICHEM), DIE DURCH DEN GEBRAUCH DES LIZENSIERTEN MATERIALS ; WELCHES DAS REGENSTRIEF INSTITUTE ODER DAS LOINC KOMITEE VERFÜGBAR MACHEN. AUCH WENN AUF DIE MÖGLICHKEIT EINES SOLCHEN SCHADENS HINGEWIESEN WIRD. MANCHE RECHTSSPRECHUNGEN SCHLIESSEN EINEN AUSSCHLUSS DERARTIGER GARANTIEN ODER GESCHÄFTSBEDINGUNGEN AUS, SODASS EINIGE O. G. BESTIMMUNGEN AUF SIE NICHT ZUTREFFEN.

13) Die vorliegende Lizenz unterliegt der Gesetzgebung des State of Indiana, USA, anhängige Gesetzgebungsverfahren ausgeschlossen.

Hinweise zu Inhalten Dritter und deren Copyright- Bedingungen

Die LOINC-Tabellen, LOINC Panels, Forms und Hierarchien sowie die RELMA- Datenbanken führen in einigen Bereichen Inhalte Dritter. Diese Inhalte werden entweder bereitgestellt mit entsprechender Genehmigung oder beinhalten die zutreffenden Nutzerbedingungen. In diesen Fällen haben wir die Copyright-Bedingungen hinzugefügt. Die Inhalte Dritter werden folgendermaßen dargestellt: Die Zeilen werden in RELMA durch eine unterschiedliche Hintergrundfarbe und kursive Schreibweise gekennzeichnet. Dazu wird auch ein link zu den Copyright- und Nutzungsbedingungen in die (Ext(C)) Spalte eingefügt. Bei der LOINC-Tabelle sind die Copyright-Bedingungen bereits enthalten.

Wir haben Inhalte Dritter für klinische, administrative und wissenschaftliche Anwendungszwecke eingefügt. Die Besitzer der Inhalte Dritter möchten, dass die Quellen transparent sind. Sie erlauben die kostenfreie Nutzung für Behandlung, Gesundheitsmanagement und wissenschaftliche Zwecke. Die Veränderung der Inhalte und die Nutzung für kommerzielle Zwecke sind verboten, d.h. der direkte Vertrieb der Einträge zu Untersuchungsinstrumenten. Hingegen wird die Nutzung und Aggregierung der Daten in kommerzieller Software, in Krankenakten und anderen klinischen Datenbanken erlaubt. Die Details zur Nutzung der jeweiligen Inhalte Dritter werden zusammen mit den Einträgen in RELMA oder LOINC angezeigt. Die Copyright-Bedingungen der LOINC-Kodes an sich unterliegen den Bedingungen des Regenstrief Instituts, Inc. und dem LOINC Komitee. Sie sind Gegenstand der Copyright- und Nutzungsbedingungen für LOINC.

In Zukunft erwarten wir viele weitere Einträge zu Untersuchungsinstrumenten und Fragebögen (besonders solche, die von der US-Regierung für Abrechnungszwecke genutzt werden). Wir glauben, dass die zentrale Datenhaltung in einem System zusammen mit den Labordaten und klinischen Untersuchungen die Nutzung dieser Daten in Versorgung, Wissenschaft und Praxis erleichtern wird.

Vorwort und Einleitung

Die LOINC-Datenbank stellt eine Sammlung allgemeingültiger Namen und Identifikatoren zur Bezeichnung von Untersuchungs- und Testergebnissen aus Labor und Klinik zusammen[1][2].LOINC unterstützt den Datenaustausch und die Zusammenfassung von Befunden/Ergebnissen , beispielsweise bei Blut-Hämoglobin, des Serums-Kalium oder aber den Vitalfunktionen, insbesondere auch im Bereich der medizinischen Behandlung, dem Befund-Management und der Forschung. Heutzutage wird für die elektronische Übermittlung der Labordaten vom untersuchenden Labor in die behandelnden Klinikeinheiten (zu den Leistungsanfordernden) noch hauptsächlich ASTM 1238 oder standardmäßig HL7 eingesetzt. Die meisten Labors setzen bei der Übermittlung ihrer Ergebnisse auf eigene, vorab intern festgelegte (meistens idiosynkratische), Identifizierungs-Kodes und -Werte.

Empfängt ein weiteres medizinisches Informationssystem diese Informationen, so werden die Testergebnisse oftmals nicht vollständig „verstanden“, insbesondere wenn die Kodierweisen des Versenderlabors, aus dem die Testergebnisse stammen, nicht vorab vollständig in das eigene System übertragen wurden (dies ist kaum möglich, insbesondere wenn Laborergebnisse aus mehreren Laboratorien stammen, so z. B. aus dem Krankenhauslabor, dem unabhängigen Labor außerhalb der Klinik oder dem mobilen Pflege-Labor). Man macht sich selten die Mühe, jedes einzelne, individuelle Labor-Kodiersystem vorab im hausinternen Kodesystem abzubilden[3].

Diese Schwierigkeiten wären behoben, wenn bei der Übermittlung medizinischer Daten die Beteiligten, die miteinander kommunizieren müssen, die LOINC-Kodes bei der Weitergabe ihrer Laborergebnisse einsetzen würden. Ein Informationssystem mit LOINC-Kodes in seiner Nomenklatur-Stammdatei kann problemlos HL7- Testergebnisse verstehen und korrekt speichern, sofern in den Labors die Ergebnisse ebenso mit LOINC-Kodes dargestellt wurden.

Auch staatliche Stellen könnten im Rahmen von Forschungsarbeiten und im Dienste des Öffentlichen Gesundheitswesens vom Einsatz der LOINC-Kodierung profitieren. Sie wären in der Lage, Testergebnisse von vielen unterschiedlichen Stellen zusammenzutragen und zu verarbeiten. Besonders sinnvoll ist der Einsatz von LOINC-Kodes und -Identifikatoren zu statistischen Zwecken, z. B. in Krankenhäusern, im klinischen Labor, in Arztpraxen, in Gesundheitsbehörden, staatlichen Gesundheitseinrichtungen und wirtschaftlich unabhängigen Einrichtungen und Stellen, die sich mit Qualitätssicherung und Anwendungsberichten befassen.

Die LOINC-Kodes sind allerdings nicht dazu gedacht alle nur erdenklichen Informationen, die im Rahmen der Diagnostik auftreten können, abschließend bzw. vollumfänglich zu erfassen. Sie sollten ausschließlich die Ergebnisse einer Laboruntersuchung oder einer klinischen Untersuchung identifizieren. Weitere Datenfelder in der elektronischen Nachricht sind dazu gedacht, das Herkunftslabor und auch besondere Merkmale einer Probe zu kennzeichnen. (Beispielsweise identifiziert der Ergebniskode eine Blutkultur. Der Ursprungs-Kode dieser Mitteilung, der spezifischer sein kann, stellt jedoch fest, dass es sich bei der Probe um Pumpen-Blut handelt). Der Differenzierungsgrad der LOINC-Kodes ermöglicht es, Testergebnisse genau zu differenzieren, ähnlich wie in den Stammdateien herkömmlicher Laborsysteme. In der Tat wurden zu Beginn unserer Arbeiten die Stammdateien von sieben unterschiedlichen US-amerikanischen Labors zu Rate gezogen und noch heute tragen Rückfragen von kommerziellen Laboratorien und Krankenhäusern dazu bei, das LOINC-Projekt abzurunden.

Jeder LOINC-Ausdruck entspricht einem individuellen Testergebnis oder Testfeld. Folgende Felder zur Spezifikation sind möglich:

1. Komponente (Analyt) – z. B. Kalium, Hämoglobin, Hepatitis-C Antigen
2. Gemessene Eigenschaft – z. B. Stoff-Konzentration, Enzym-Aktivität (Katalysegeschwindigkeit)
3. Zeitangaben - entweder handelt es sich um eine Untersuchung zu einem bestimmten Zeitpunkt oder um eine Untersuchung innerhalb einer bestimmten Zeitspanne – z. B. 24-Stunden-Urin
4. Art der Probe – z. B. Urin, Blut.
5. Art der Skalierung – z. B. ob die Messung quantitativ (Maßgenauigkeit), ordinal (mit abgestuften Alternativen), nominal (z. B. Escherichia coli, Staphylococcus aureus) oder als Textdarstellung (z. B. das Ergebnis nach Diktat bei Röntgenuntersuchungen) erfolgte.
6. Sofern erforderlich wird die Methode angegeben, mit der das Ergebnis erzielt oder andere Beobachtungen gemacht wurden.

In den LOINC-Kodes enthalten sind weiterhin Informationen zur Menge, dem Verfahren und dem Zeitpunkt physiologischer oder pharmakologischer Toleranz- oder Belastungstests (z. B. oraler Glukosetoleranztest, in LOINC ausgedrückt als GLUCOSE^1H POST 100 G GLUCOSE PO[1]). Sobald normale Testmethoden gehäuft sowie standardisiert auftreten, wird die Bezeichnung der Methode chemischer Tests nicht zwangsläufig in der jeweiligen LOINC-Bezeichnung enthalten sein, vor allem bei standardmäßig normalisierten Methoden, wobei aber die Namen der meisten serologischen Tests und die Blutgerinnungstests dennoch enthalten sind. Diesem Prinzip folgen auch die Stammdateien gängiger Laborinformationssysteme. Selbstverständlich kann die Methode aber auch individuell als Einzelergebnis in einem Ergebnisprotokoll genannt werden, unabhängig davon, ob sie Bestandteil des Testnamens ist.

Zur Gestaltung der Datenbank haben wir vielfältige Quellen verwendet, u. a. auch das *Silver Book* der *International Union of Pure and Applied Chemistry* (IUPAC) und der *International Federation of Clinical Chemistry* (IFCC)[4], Lehrbücher klinischer Pathologie (z. B. Henry[5] and Tietz[6]), EUCLIDES sowie die Sachkenntnis und Arbeiten der LOINC-Mitarbeiter und Mitglieder. Ebenso wurde auf die Stammdaten der Befunddateien weiterer sieben Quellen zurückgegriffen (*Indiana University/Regenstrief, University of Utah, Association of Regional and University Pathologists* (ARUP), *Mayo Medical Laboratories*, *LDS Hospital in Salt Lake City*, das *Department of Veterans Affairs*, *Quest Diagnostics*, und *University of Washington*). Dieses Vorgehen erforderte einen erheblichen Einsatz von Erfahrungswissen. Unsere Zielsetzung besteht darin Kodes zu erarbeiten, die der tatsächlichen Arbeitsweise in Labors entsprechen und sich mit den Stammdateien der klinischen Abteilungen decken.

Die Datenbank stellt Datenfelder für jeden Teil der sechsteiligen Bezeichnung zur Verfügung. Zusätzlich gibt es Abkürzungen (siehe Version für Labor-Tests aus dem Monat August 2002), Bezugswörter, Synonyme und Kommentare für alle Untersuchungen. Es wurden Bezugswörter (Synonyme) zur vereinfachten Suche nach speziellen Laborergebnissen oder Ergebnissen klinischer Untersuchungen eingeführt.

In der Datenbank sind Datenfelder für eine große Anzahl von Datenelementen definiert (z. B. typische Einheiten, Normbereiche für Proben). Die meisten dieser Felder sind allerdings nur zum Teil belegt. Für einige Testergebnisse, die in der Regel mit Kodes wiedergegeben werden, sind Listen

[1] In den USA, PO (eine Abkürzung für *per ora*), Identifizierung für perorale Gabe

mit Standard-Antworten vorhanden. Bei dieser Datenbank handelt es sich um ein fortlaufendes Projekt mit Richtlinien für jene Benutzer, die Ergänzungen oder Änderungen im LOINC wünschen. Dieses Verfahren finden Sie im Anhang D.

Für manche Untersuchungs- und Testergebnisse sind in der Datenbank mehrere Möglichkeiten vorgesehen, die Resultate darzustellen. Beispielsweise kann ein Blutzellenantigentest im Rahmen eines Vaterschaftstestes als eine „Tabelle“ mit unterschiedlichen „Resultaten“ dargestellt werden, wobei jedes Antigen als „vorhanden“ oder „nicht vorhanden“ mit einem Kreuz gekennzeichnet wird. Beim abschließenden Abgleich der Kreuze, wird dann eine Liste mit den vorhandenen Antigenen erstellt. Wir bemühen uns, in der LOINC-Datenbank beide Methoden der Ergebnisdarstellung anzubieten und Identifikatoren für die Ergebnisse die erforderlichen Kodes bereitzustellen.

Laboratorien und medizinisches Personal im Bereich medizinischer Dokumentationssysteme sollten die LOINC-Kodes als Attribute in ihren bereits vorhandenen Stammdateien für Test- und Untersuchungsdateien einsetzen und sie im OBSERVATION-ID Datenfeld (OBX-3) des ASTM- und HL7-OBX-Segmentes und den dazugehörigen CEN-TC251- und DICOM- Mitteilungen zur Identifizierung von Labor-Testergebnissen nutzen.

In der Druckversion wird die LOINC-Datenbank als elektronisches Dokument zur Verfügung gestellt. Die Gruppierungen der einzelnen Kategorien sind „allgemeingültig“ gehalten, um die Suche nach den relevanten Gebieten zu vereinfachen. Die Unterteilung umfasst vier Gruppen: „*lab*“, „*clinical*“, „*attachments*“ und „*surveys*“. (Diese Aufteilung finden Sie in CLASSTYPE). Die Gruppe „Labor“ ist weiterhin untergliedert in die gängigen Kategorien Chemie, Hämatologie, Serologie, Mikrobiologie (inklusive der Parasitologie und Virologie) und Toxikologie. Antibiotika-Empfindlichkeiten sind in einer eigenen Kategorie untergebracht. Die Gruppe „Klinik“ enthält Eingabefelder für Vitalfunktionen, Hämodynamik, Stoffwechselbilanz, EKG, Sonogramm in der Geburtshilfe, Herz-Sonogramm, urologische Darstellungen, gastro-endoskopische Verfahren, Lungenbeatmungsverfahren und andere klinische Untersuchungen. In Tabelle 20 (im Anhang B) werden diese Gruppierungen detailliert aufgeführt. Selbstverständlich ist diese Kategorienaufteilung nicht zwingend „bindend“. Sie haben jederzeit die Möglichkeit, sie nach Ihren Arbeitserfordernissen zu konfigurieren.

Die Wartung und Pflege dieser Datenbank - also der LOINC-Datenbank und der dazugehörigen Support-Dokumentation – sowie des RELMA®-Mapping-Programms wird vom *Regenstrief Institute* übernommen. (Es sind über 34.000 verschiedene Labortests und Untersuchungen hierin zu identifizieren). Diese Dokumente sind unter der Internetseite des *Regenstrief Institute* abrufbar: (http://loinc.org).

Die LOINC-Datenbanken sind in unterschiedlichen Datei-Formaten erhältlich. Jedes Format enthält im ersten Teil der Datei die Copyright-Vermerke und die Genehmigung, die Datenbank ohne die Zahlung von Gebühren oder einer schriftlicher Genehmigung allgemein zu nutzen. Die Datenbanken und das vorliegende Dokument sind von uns durch Copyright registriert. Es wird somit ausgeschlossen, dass weitere Varianten dieser Kodes erstellt werden. Das Vorhandensein weiterer Varianten hätte zur Folge, dass unser Ziel – allgemeingültige Identifikatoren für Testergebnisse zu etablieren – hinfällig wäre.

LOINC ACCESS Datenbank:
Die offizielle LOINC-Datenbank in Form einer MS ACCESS-Datei trägt den Namen LOINC.MDB. Sie wurde unter Verwendung von Microsoft Access™ 2007 erstellt.

LOINC ASCII-Format tabulatorbegrenzt:
Jeder Datensatz ist in einer separaten Zeile untergebracht; jeder Datensatz(Zeile) endet mit CR/LF und jedes Feld schließt mit einem Tab-Zeichen ab. Textfelder, nicht Null-wertige Textfelder, werden mit doppelten Anführungszeichen („“) eingegrenzt. Dieses Format eignet sich zum Import in eine eigene Datenbank. Diese Datei beinhaltet den gesamten LOINC-Datenbestand in einer Formatierung, die den Import in weitere Spreadsheet-Programme sowie Datenbanken leicht ermöglicht.

Das LOINC Benutzer-Handbuch (der hier vorliegende Text in englischer Version) ist als PDF-Datei erhältlich. Es werden die Struktur der Datenbank, ihre Sinnhaftigkeit und die Regeln, die wir bei der Namensgebung von Untersuchungsergebnissen angewandt haben, erklärt.

RELMA
Zusätzlich zu den grundlegenden LOINC-Dateien offerieren wir auch ein Windows-basiertes Mapping Werkzeug, den so genannten *Regenstrief LOINC Mapping Assistant* (RELMA®). Dieses Programm ist ebenso frei nutzbar. Das RELMA-Paket beinhaltet die LOINC-Tabelle als Datenbank und einige große Index-Tabellen.

RELMA Handbuch
Die Dokumentation der Software RELMA ist in einem gesonderten Benutzer-Handbuch enthalten.

Alle oben aufgeführten Dateien finden Sie auf der LOINC-Internetseite: http://loinc.org oder auf einer separat erhältlichen CD.

Über Verbesserungs- oder Erweiterungsvorschläge zu der Datenbank freuen wir uns. Interessant sind immer Bezeichnungen für Tests und Untersuchungen, so wie sie heute tatsächlich erforderlich und genutzt werden. Spezifizierungen, die möglicherweise in Zukunft erforderlich werden könnten, fallen nicht darunter. Im Anhang D finden Sie Anleitungen und Hinweise zum Einreichen neuer Bezeichnungen.

Clem McDonald
Vorstand des LOINC-Komitees
Vorstand Labor-Loinc-Komitee

Stan Huff
2ter Vorstand des LOINC-Komitees
Vorstand Klinik-LOINC-Komitee

Danksagungen

Wir danken Herrn Henrik Olesen, Vorsitzender der IUPAC, *Commission on Quantities & Units in Clinical Chemistry*, für seine sehr hilfreichen Anmerkungen und Einblicke in den Bereich der Laborwertkodierung.

Dieses Projekt wurde in Teilen vom *Center for Disease Control and Prevention* (Zentrum zur gesundheitlichen Überwachung und Vorbeugung) unter den Fördermittelkennnummern R13/CCR517099 und H75/CCH522778 mitfinanziert.

Der Inhalt unserer Arbeit unterliegt ausschließlich der Verantwortung der Autoren und spiegelt nicht die amtliche Sicht des *Centers for Disease Control and Prevention* wieder.

Weiterhin erhielten wir Unterstützung von Förderprogrammen und Verträgen mit der *John A. Hartford Foundation of New York*, der *National Library of Medicine* (Verträge: N01-LM-4-3510, N01-LM-6-3546, N01-LM-9-3517 und N01-LM-3-3501). Ebenso wurden wir von der *Agency for Health Care Policy and Research* (AHCPR), Fördermittelkennnummern HS 08750 und HS 07719, unterstützt.

Diese Arbeit wurde unter der Schirmherrschaft des *Regenstrief*-Institutes initiiert und durchgeführt.

1. Ziele

Das Ziel des LOINC-Projektes besteht darin, allgemeingültige Identifikatoren oder Bezeichner (Kodes) für herkömmliche ASTM-, E1238-, HL7-, CEN-TC251-Systeme, DICOM- Untersuchungsberichte und -Nachrichten bereitzustellen. Dies gilt für alle Informatik-Bereiche v. a. des Gesundheitswesens, z. B. im Management des klinischen Labor-Informationswesens oder aber auch für die EDV-gestützte Patientenverwaltung[7],[8]. Das heißt, wir stellen Identifikatoren zusammen, die den Wert des „Observation Identifiers" kodieren. Dieser ist in Mitteilungen ursprünglich im Datenfeld #3 im OBX-Segment einer ORU-HL7 (HL7 vs. 2.x und vs. 3.[9] oder ASTM 1238-94[10]) – Nachricht enthalten, oder aber im dazu korrespondierenden Datenfeld von nachfolgenden Versionen des HL7- oder DICOM-Standards. Die LOINC-Kodes werden bei HL7 als „LN"-Kodesystem identifiziert. Nutzt man LOINC im Rahmen der standardisierten Nachrichtenübermittlung, so können diese Kodes zden Informationsaustausch klinischer Messwerte zwischen den unterschiedlichsten Systemen der Informationstechnologie ermöglichen.

Für diesen Prozess ist es wichtig, dass jeder Identifikator gemäß standardisierter Regeln einen „**vollständig spezifizierten LOINC Namen**" (VSLN) erfordert. Die Anwender können dann ihre Tests mit Langnamen versehen, die wiederum auf halb-automatischem Weg mit den allgemeingültigen Test-Identifikatoren verknüpft werden.

Zu Beginn haben wir uns verstärkt um die Namensgebung für die Ergebnisse von Testberichten und der von klinischen Untersuchungen bemüht, weniger um die Darstellung von Testreihen. Die Namensgebung bei Einzeluntersuchungsergebnissen ist weniger komplex als jene bei Testreihen. Weiterhin haben wir auch Kodes für einige Anforderungsformulare definiert. Es ist wichtig. dass LOINC-Kodes gleichermaßen zur Darstellung von Einzelergebnissen, Berichten und Untersuchungen genutzt werden, sowohl für die berichtende wie auch für die anfordernde Seite.

Bei der LOINC-Datenbank handelt es sich um eine universelle Basisdatenbestand mit Standard-Untersuchungsbezeichnungen und -Kodes, womit die meisten Dateneinträge von in Betrieb befindlichen Laborsystemen abgedeckt werden, so dass die Begrifflichkeiten dieser operativen Stammdateien direkt als universelle Kodes und Bezeichnungen abgebildet werden können. Unsere Namen lehnen sich dabei sehr eng an die Langnamen der Stammdateien an. Die LOINC-Namen sind „vollständig spezifizierte Bezeichner" (**VSB**[2]). Das bedeutet, falls jemand sein eigenes Test- Repertoire in LOINC®-Kodes ausdrücken möchte, müssen alle Informationsbestandteile, die in der bisherigen lokalen Untersuchungsbezeichnung enthalten sind, auch im LOINC-Namen vorhanden sein.

Abkürzungen
Es ist uns wichtig, bei den Untersuchungsdefinitionen ein hohes Maß an Detailgenauigkeit zu erreichen, die dann eins-zu-eins in die separat erfassten klinischen Untersuchungen und die Laborberichte eingehen. Wenn ein Test in einem klinischen Bericht eine eigene Spalte hat, oder einen Referenzbereich, der deutlich von dem anderer abweicht, oder er hat eine grundlegend unterschiedliche klinische Bedeutung zu der von anderen diesbezüglichen Tests, so ist

[2] Anmerkung der Übersetzung: der Ausdruck „*fully specified name*" wurde übersetzt zu „vollständig spezifizierende Bezeichnung", um eine möglichst detailgetreue Widergabe sicherzustellen. Wegen der Länge des deutschen Ausdruckes wurde dieser zu Gunsten bequemerer Lesbarkeit stellenweise zu VSB abgekürzt.

normalerweise ein neuer, separater LOINC-Name oder Code zugeordnet. Wir liefern unsere Datenbank bestehend aus den o. g. VSB, den zugehörigen Kodes und den Bezugsnamen, wobei jede Zeile genau einem einzelnen klinischen Test(verfahren) entspricht.

Die LOINC-Namen sind lang und manchmal schwierig zu verstehen. Wir halten sie somit auch nicht für besonders praktikable Bezeichner im klinischen Berichtswesen und haben bestimmte Regeln zum Erzielen von lesbaren Ergebnissen. In den vergangenen sieben Jahren erhielten wir viele Anfragen nach universellen „Kurz-Namen", die in HL7-Nachrichten und eventuell auch direkt in Befundberichten verwendet werden könnten. Im Jahre 2002 stellten wir unseren ersten Versuch zur Bereitstellung solcher Kurz-Namen vor. Auf dieser Stufe beschränkten wir unsere Bemühungen auf Laboruntersuchungen, ausgenommen waren Challenge-Tests [*Belastungs- und Toleranz-Tests*], da diese längere Namen haben und es somit schwierig ist, sie in eine bestimmte Längenvorgabe zu packen. Das LOINC-Komitee empfahl, dass der Kurz-Name eine Länge von nicht mehr als 30 Zeichen haben sollte und diesen Kurz-Namen zusammen mit dem LOINC-Kode als 2ten Teil eines HL7-CE-Datentyps in einer HL7-Mitteilungen zu verschicken. Diese Kurz-Namen sind zwar eindeutig, aber sobald wir über bessere Algorithmen verfügen, werden sie auch Änderungen unterliegen. Es ist anzunehmen, dass kürzere mehr zweckdienliche Namen und Synonyme von lokalen IT-Systemen erstellt und gepflegt werden. In vielen Anfragen wurden wir gebeten, standardisierte Kurznamen für Berichte und Darstellungen zu erarbeiten und wahrscheinlich werden wir das Definieren solcher Namen in einem künftigen Projekt in Betracht ziehen.

Erfolge

Seit ihrer Freigabe über das Internet im April 1996 wurden die LOINC-Kodes mit großer Begeisterung angenommen. Seitdem folgten dreizehn Versionen der LOINC-Datenbank, mit nunmehr über 30.000 Untersuchungsbegriffen. Sogar der Informatik-Ausschuss des *College of American Pathologists* hat den LOINC-Kodes zugestimmt. Der Verband der klinischen Labors in Nordamerika (*American Clinical Laboratory Association [ACLA])* mit seiner großen Anzahl an Referenzlabors, die über 60 % des US-amerikanischen Marktes im Bereich ambulanter Laborarbeiten abdecken, hat die LOINC-Kodes seinen Mitgliedern zum Einsatz empfohlen. *Quest Diagnostics* (ehemals *Corning MetPath*), *LabCorp* und *SmithKline Beecham* (heute in *Quest Diagnostics* integriert), also mit die drei größten Laborbetriebe in den USA, haben die LOINC-Kodes als Kodesystem für ihre Labor-Berichterstattung übernommen. Ebenso ARUP (*Associated Regional and University Pathologists*). Unter anderem sind derzeit auch die *Mayo Medical Laboratories* dabei, LOINC-Kodes einzusetzen. Zusätzlich übernehmen folgende Einrichtungen zurzeit die LOINC-Kodes: *University of Colorado, Intermountain Health Care, Kaiser Permanente®* , *Clarian Health (Indiana University, Methodist Hospital und Riley Hospital), Partners Healthcare System of Boston™ (Brigham and Women's and Mass General Hospital), Care Group of Boston, Mayo Clinic* und auch das *Department of Defense*. Ferner haben sich noch sämtliche US-amerikanischen Einrichtungen der Veterinär-Medizin verpflichtet, auf LOINC-Kodes umzusteigen.

HMOs[3], wie das *Empire Blue Cross* und *Aetna Health Care* setzen für interne Zwecke ebenso unsere Kodes ein. Auch international feierten die LOINC-Kodes große Erfolge. In Genf (Schweiz) werden LOINC-Kodes bei Aufträgen zur Qualitätssicherung eingesetzt. Die Provin-

[3] HMO = Health Maintenance Organization, entspricht in gewisser Weise dem System der Polykliniken (ehem. DDR), Managed Care Zentren mit Vertragsärzten in Verbindung mit einer Basiskrankenversicherung in den USA. Keine freie Arztwahl.

zen Ontario und British Columbia in Kanada setzen LOINC-Kodes flächendeckend ein und Neufundland zieht in Betracht, diesem Beispiel zu folgen. **Seit kurzem sind die LOINC-Kodes auch in Deutschland vertreten.**

Mittlerweile wurden die LOINC-Kodes in die *National Library of Medicine´s* Unified Medical Language System® (UMLS®). eingeführt. Sie waren Bestandteil des HCFA-Qualitätstest-Pilotprogrammes und werden wahrscheinlich Bestandteil in der Spezifikation des HIPAA (*Health Insurance Portability and Accountability Act*) für elektronische Anhänge. Sie wurden übernommen von: dem *Center of Disease Control and Prevention* (Zentrum für gesundheitliche Überwachung und Vorsorge) und dem *Council of State and Territorial Epidemiologists* im Rahmen der Berichterstattung von Krankheiten und deren Übertragungswegen[11], [12]. Schließlich gibt es den LOINC noch für das Zentrale Krebs-Register in Nordamerika (*North American Association of Central Cancer Registries (NAACCR)*) im Bereich der Tumordifferenzierung.

Am 21. März 2003 gaben das HHS (United States Departments of Health and Human Services), eine Behörde der Landesverteidigung (*Defense DoD*) und *Veterans Affairs* (VA), den ersten Satz zusammengehörender, einheitlicher Standards im elektronischen Datenaustausch klinischer Gesundheitsinformationen bekannt, der bundesweit von Seiten der Regierung eingesetzt wird. Das heißt, dass alle staatlichen Stellen, die sich mit Daten im Gesundheitswesen befassen, die *Logical Observation Identifiers Name Kodes* (LOINC-Kodes) zum standardisierten Austausch elektronischer Daten aus klinischen Laboranforderungen und -untersuchungen einsetzen.

1.1 Was nicht im Namen enthalten ist

Bestimmte Parameter und Beschreibungen, die zur Durchführung der Befundung erforderlich sind, werden ausdrücklich von der „vollständig spezifizierten“ Befundbezeichnung ausgeschlossen. Sie werden in separaten Datenfeldern (Attributen) des Test- bzw. Untersuchungs-Berichtes dargestellt, aber nicht als Teil des „vollständig spezifizierten“ LOINC Namens. Ausgeschlossen werden die folgenden Attribute:

1) das für die Untersuchung eingesetzte Instrumentarium
2) Detailangaben zu den Proben oder der Probenentnahmestelle, wie z. B. „rechte Ellenbeugengrube“
3) Priorität der Untersuchung, z. B. ob dringend oder routinemäßig
4) wer das Ergebnis prüft/bestätigt
5) der Umfang der entnommenen Probe
6) der Untersuchungsort (z. B. zu Hause, am Bett, im Kliniklabor)

Bei Laboruntersuchungen beinhaltet der LOINC Name Informationen zur Identifizierung der Probenart. Allerdings ist dies nicht so zu verstehen, dass der „Proben“-Teil des LOINC Names zur Identifizierung des Untersuchungsmaterials derart beschaffen ist, dass die Proben umfassend und vollständig in allen Details beschrieben sind. Es werden nur signifikante Unterschiede für das Ergebnis und der übliche Sprachgebrauch der Testnamen wiedergegeben. Labore differenzieren beispielsweise Natrium im Urin, im Schweiß oder im Blutserum als unterschiedliche Laborwertbestimmungen, da es hier jedes Mal andere Normwerte gibt. Im Gegensatz dazu wird nicht unterschieden, wenn es sich bei der Bestimmung der Natriumkonzentration beispielsweise um arterielles oder venöses Blutserum

handelt. Die Konkretisierung, ob es sich um arterielles bzw. venöses Blut handelt, wird in einem gesonderten Teil des Laborberichtes festgehalten. Wir orientieren uns pragmatisch an den herkömmlichen Vorgehensweisen. Wenn Labore unterschiedliche Tests für gleiche Messungen an verschiedenen Untersuchungsmaterialien festlegen (dies schließt normalerweise eine feine Abstimmung der Normbereiche ein), so legen auch wir in unserem Wortschatz unterschiedliche Labor-Tests fest. Falls sie dies nicht tun, folgen wir auch dieser Vorgehensweise.

Das Ausmaß mit welchem die jeweilige Untersuchungsmethode sich im LOINC Namen wieder findet richtet sich nach pragmatischen Kriterien. Wir differenzieren bei Tests oder Beobachtungen ggf. durch den Methodentyp der dazu verwandt wird ein Resultat zu erzielen, insofern diese Methode einen wichtigen Faktor bei der Beurteilung des Untersuchungsergebnisses darstellt. Da es sich hier um eine äußerst komplexe Fragestellung handelt, ist es sehr schwierig unser Vorgehen umfänglich in dem vorliegenden Dokument darzulegen. Sofern bestimmte Labore nicht dazu neigen, die Methode im Namen zu integrieren (wie z. B. die meisten chemischen Laboratorien), so halten wir uns auch daran und schließen die Methode nicht im Namen ein. Andernfalls (wie in der Immunchemie) schließen wir sie mit ein. Gerechtfertigt werden kann dieses Vorgehen streckenweise damit, dass der „Übereinstimmungsfaktor“ bei standardisierten Methoden möglichst hoch sein sollte. Eine vollständige abschließende Darstellung aller möglichen Variablen (Methode, Reagenz) in einem einzelnen Namen ist kaum durchführbar. Selbst wenn eine Differenzierung in diesen Fällen vorgenommen werden sollte, so beschränkt man sich auf Methodentypen, nimmt aber keine detailgetreue Darstellung der Methode vor. (Siehe Abschnitt 2.7, Methoden-Art, dort werden weitere Angaben beschrieben).

Das *College of American Pathologists* erstellt Statistiken für Testergebnisse bei Standardproben, aufgeschlüsselt nach Labor, Instrumentarium oder Verfahrensweise. (Das sind so genannte CAP[4]-Erhebungen). Wir haben in Betracht gezogen, diese CAP-Datenerhebungen heranzuziehen, um empirisch zu entscheiden, wann für die Namensgebung die Methodendifferenzierung vorgenommen werden sollte, kamen aber zu dem Schluss, dass dies nicht möglich ist. Oftmals sind offensichtliche Methodenunterschiede bei Standardproben Artefakte der Probenmatrix und stehen in keinem Zusammenhang mit Serum-Untersuchungsmaterial. Zusätzlich ist die Schwankungsbreite bei der Methodenauswahl sowohl zwischen den unterschiedlichen Labors als auch innerhalb der einzelnen Labors sehr groß.

Die Bedeutung der Methodendifferenzierung ist trotzdem nicht zu vernachlässigen. Die Mitteilung eines Test-Ergebnisses wird immer auch Informationen über den Normalwert eines spezifischen Laborwertes enthalten, ebenso Angaben über das Labor ausweisen, und – sofern das Labor es so wünscht – spezifische Angaben über die eingesetzte Methode (z. B. kann OBX-17 spezifische Methodenangaben beinhalten). Anzumerken ist letztendlich auch, dass diese Angaben in gesonderten Datenfeldern in der HL7-Nachricht aufgenommen werden und nicht in den einzelnen Namen der Laborwerte eingebettet sind.

1.2 Anwendungsbereich des vorliegenden Dokumentes

[4] CAP = *College of American Pathologists*

Alle Analysenverfahren, die von klinischen Laboren heutzutage unterstützt werden, sind in der aktuellen LOINC-Datenbank eingeschlossen, ebenso für Spezialgebiete der Chemie, therapeutische Medikationsüberprüfung und Toxikologie, Hämatologie, Serologie, Blutbank, Mikrobiologie, Zytologie, Chirurgische Pathologie und Fertilität. Viele Bezeichnungen aus der Veterinärmedizin sind ebenso enthalten. Zum gegenwärtigen Anwendungsbereich gehören zusätzlich auch Angaben, die ohne Messung/Laboruntersuchung gemacht werden und die zum Interpretieren von Untersuchungsergebnissen erforderlich sind. Diese werden normalerweise als Teil des Berichtes zusammen mit den Laborergebnissen aufgeführt. Beispiele dafür sind:

1) der Menstruations-Zyklus oder die Einnahme von Östrogenen beim Zervikalabstrich (Pap-Test)
2) der verabreichte Sauerstoff bei arteriellen Blutgasen
3) die Dosis bei Wirkstoffkonzentrationen im Bereich der Pharmakokinetik
4) die Menge der durch die Blutbank abgegebenen Einheiten.

Die LOINC Version vom Juni 2000 enthielt unseren ersten Vorstoß im Bereich der Laboranforderungen bei Testreihen (siehe Abschnitt 3.10). Die vorhandenen LOINC-Kodes konnten seit je her auch zur Anforderung spezifischer Befunde genutzt werden, vor 2000 gab es aber noch keine Möglichkeit, um mit LOINC-Kodes eine ganze Untersuchungsgruppe anzufordern. Im Augenblick konzentriert sich LOINC entweder auf Untersuchungen, die als Gruppe naturgemäß vorgegeben sind (z. B. die Urin-Analyse) oder durch eine behördliches Gremium so vorgesehen sind (z. B. Basic metabolic HCFA 2000 panel)

Der klinische Anteil der LOINC-Datenbank deckt folgende Bereiche ab: Blutdruck, Herz- und Atmungsfrequenz, Notfalluntersuchungen, Herzleistung, Körpermaße, Körpertemperatur, Stoffwechsel, Elektrokardiografie, Echokardiografie, Sonographie in der Geburtshilfe, Sonographie in der Urologie, gastrointestinale Endoskopie, Beatmungsverfahren, Zähne, DEEDS-Notaufnahmeberichte, Berichte über radiologische Untersuchungen, Abrechnungsbelege[5] und die Hauptstichworte zum klinischen und physischen Zustand, Entlassungsberichte, Notizen zu Operationsberichten und Angaben zur Tumorregistrierung. An der Ausweitung im Bereich Geburtshilfe und Säuglingspflege wird gearbeitet. Weiterhin sind getrennte Datenbanksektionen für Abrechnungsbelege und statistische Erhebungen vorhanden.

Jedem LOINC Namen haben wir einen einzigartigen, permanenten Code gegeben, den wir LOINC-Kode nennen. Das ist jener Kode, der in elektronischen Berichten durch die vorhandenen Systeme zur Identifizierung verwendet werden soll. Der LOINC-Kode verfügt über keine intrinsische Struktur, außer dass das letzte Zeichen eine *modulo 10* – Prüfziffer ist. Die Berechnungsvorschrift, mit der diese Ziffer errechnet wird, ist im Anhang C dargestellt. Die komplette Struktur wie sie mit jeden LOINC-Datensatz verbunden ist wird in jeweils anderen Feldern der LOINC-Datenbank abgespeichert.

[5] Anmerkung der Übersetzung: „Abrechnungsbeleg“ steht für den englischen Ausdruck „*Claims Attachment*“, ein Dokument, das sich als Anhang zu einem Laborbericht versteht und das mit den in den USA üblichen Abrechnungsmodalitäten zwischen Krankenversicherern und Leistungserbringern zu tun hat. Diese (neue) Art von *Claims Attachments* sollen den Verwaltungsaufwand durch elektronische Leistungsabrechnung erleichtern.

2. Hauptbestandteile der Test- und/oder Untersuchungsbezeichnung

Die „vollständig spezifizierte“ Bezeichnung VSB eines Laborwertes oder einer klinischen Untersuchung besteht aus fünf bzw. sechs Grundbestandteilen: **Der Name der Komponente oder der analysierten Substanz** (z. B. Glukose, Propanolol), **die untersuchten Eigenschaften** (z. B. die Konzentration der Substanz, die Masse, das Volumen), **die Zeitangaben zu den Messungen** (z. B. Zeitraum oder Zeitpunkt), **die Art der Probe** (z. B. Urin oder Serum), **die Mess-Skala** (z. B. qualitativ oder quantitativ) und, falls erforderlich, **die Untersuchungsmethode** (z. B. Radioimmuno-Assay, Immun-Blot). Folgende Schreibweise verwenden wir für die formelle Darstellung:

```
<Analyte/component>:<kind of property of observation or
  measurement>:<time aspect>:<system (sample)>:<scale>:<method>
```

Der Doppelpunkt “**:**” ist Bestandteil der Bezeichnung und unterteilt in die Hauptbestandteile des LOINC Namens.

Im ersten Teil der Bezeichnung können drei weitere Untergliederungen vorgenommen werden, die wiederum mit (^)-Zeichen getrennt werden. Es gibt hierbei Abstufungen zunehmender Spezifizierung, die durch Punkte (.) getrennt werden. Beim dritten bzw. vierten Teil des LOINC Namens (Zeitaspekt und System/Probe) kann weiterhin durch eine zweite Untergruppe (von der ersten durch ein (^) getrennt) abgestuft werden. Beim Unterpunkt „Zeit“ kann beispielsweise ein Modifikator die Gründe und Kriterien angeben, warum eine bestimmte Untersuchung gewählt und vorgenommen wurde (Maximum, Minimum, Mittelwert, etc.). Der Modifikator im Unterpunkt „System“ identifiziert die Herkunft des Probenmaterials (z. B. Blutspender, Fötus, Einheit Blutprodukt). Diese hierarchische Struktur geht aus Tabelle 1 hervor. Sie enthält auch Angaben und Referenzen zu den Kapiteln, in denen jeder Unterpunkt detailliert erläutert wird.

Tabelle 1: Hierarchischer Aufbau der VSB (LOINC Name) von Analyten

Name Untergruppe	**Teil**
Komponente/Analyt	2.2
Name und Modifikator	2.2.1
Komponente/Name des Analyts	2.2.1.1
Komponente/Untergeordnete Bezeichnung des Analyts	2.2.1.2
Komponente/Unter-Untergeordnete Bezeichnung des Analyts	2.2.1.3
Information über das Challenge (z. B. 1H post 100 gm PO Challenge)	2.2.2
Kalibrierungen/Korrekturwerte	2.2.4
Eigenschaften (Massenkonzentration, Masse)	2.3
Zeitbetrachtung (Zeitpunkt, Zeitpunkt im Zeitablauf oder Zeitintervall)	2.4
System/Probenart (Urin, Serum)	2.5
"Übergeordnetes System" (Patient, Spender, Blut-Produkteinheit)	2.5.1
Skalen-Typ (nominal, ordinal, quantitativ)	2.6

Name Untergruppe	Teil
Methode	2.7

Die Auswahl bevorzugter Bezeichnungen beruhen auf: Tietz[6], Henry[5], IUPAC[4], EUCLIDES[13], Lehrbücher über mikrobiologische Diagnostik, z. B. Mahon und Manuselis[14], Amerikanischer Verband für Blutbanken Technisches Handbuch[15], sowie auf weiterführender Quellen, Einzelexpertisen oder dem LOINC Komitee.

Beispiele für „vollständig spezifizierte“ LOINC-Namen

Sodium:SCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Sodium:SCnc:Pt:Urine:Qn

Sodium:SRat:24H:Urine:Qn

Creatinine renal clearance:VRat:24H:Ur+Ser/Plas:Qn

Glucose^2H post 100 g glucose PO:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Gentamicin^trough:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

ABO group:Type:Pt:Bld^donor:Nom

Body temperature:Temp:8H^max:XXX:Qn

Chief complaint:Find:Pt:^Patient:Nar:Reported

Physical findings:Find:Pt:Abdomen:Nar:Observed

Binocular distance:Len:Pt:Head^fetus:Qn:US.measured

2.1 Allgemeine Konventionen in der Namensgebung

2.1.1 Namensabkürzungen von Komponenten oder Analyten

Abgesehen von den Ausnahmen, die in Tabelle 2 aufgeführt sind, sollten die Namenskomponenten nicht abgekürzt werden. Wir verwenden „*total*“ anstatt „*tot*“, „*fraction*“ anstatt „*frac*“, „*alpha*“ anstatt „A-„ „*beta*“ anstatt „B-„ (gilt für alle griechischen Buchstaben), „*oxygen*“ anstatt „O_2“, und so weiter.

Tabelle 2: Beispiele für Abkürzungen in Namenskomponenten

Abkürzung	Vollständiger Name
Ab	Antibody (***Antikörper***)
Ag	Antigen
DNA	Desoxyribonucleid acid (***Desoxyribonukleinsäure***)
HIV	Human immunodeficiency virus – HIV
HLA	Human histocompatibility complex derived antigens (***HLA-Komplex, humane Histokompatibilitätskomplexantigene***)
HTLV 1	Human t-cell lymphotropic virus-1 (***humanes T-Zell-Leukämievirus 1***)

Abkürzung	Vollständiger Name
Ig“X“	Immunoglobulins (***Immunoglobuline; z. B. IgG für Immunoglobuline G, IgM für Immunoglobuline M***)
NOS	not otherwise specified – ***(nicht weiter spezifiziert***)
RNA	Ribonucleic acid – ***(Ribonukleinsäure)***
rRNA	Ribosomal ribonucleic acid – ***(ribosomale Ribonukleinsäure)***

2.1.2 Allgemeine Regeln bei der Bezeichnung von Komponenten (Analyten) in den VSB.

2.1.2.1 Reihenfolgen

Die erste Stelle wird mit dem Identifikator der zu untersuchenden Substanz belegt: „Hepatitis-A-Antikörper (Ab)“, nicht „Antikörper, Hepatitis A“.

2.1.2.2 Generische Bezeichnungen

Der allgemeine Name eines Wirkstoffes, nicht die Handelsnamen bei Angaben zur Wirkstoff-Konzentration oder bei antimikrobiellen Suszeptibilitäten: Propranolol anstatt Inderal. Die Handels- oder Markennamen werden in den Synonym-Datenfeldern eingefügt.

2.1.2.3 Taxonomische Bezeichnungen

Der vollständige taxonomische Organismus- oder Virus-Name (nicht das Krankheitsbild) bei der Beschreibung eines diagnostischen Verfahrens, das sich auf die betreffende Krankheit bezieht. D. h. „Rickettsia rickettsii Ab“ anstatt „Rocky-Mountains -Fieber Ab” oder “Herpes-simplex-Virus Ab” anstatt “HSV Ab”. Der Name der Diagnose sollte als Synonym in dem dafür vorgesehenen Datenfeld eingegeben werden.

2.1.2.4 Spezies/Speziesgruppen

Spezies und Speziesgruppen: SP steht für eine einzelne Spezies, deren Identität unbekannt ist. SPP steht für ein Spezies-Set einer bestimmten Art. Es gibt eine dritte Möglichkeit: In manchen Tests treffen mehrere Antikörper auf unterschiedliche Spezies-Stämme. So bei Rickettsiosen, bei denen Antikörper den unterschiedlichen Gruppen von Spezies zugeordnet werden müssen. Bei der Fleckfieber-Gruppe oder der Typhus-Gruppe beispielsweise werden dann die Rickettsien-Fleckfieber-Gruppe und die Rickettsien-Typhus-Gruppe eingesetzt.

2.1.2.5 Vollständiger Name eines Bakteriums

Wenn Laborwerte den Namen eines Bakteriums enthalten (z. B. *Neisseria-gonorrhoeae*-DNS-Untersuchung) wird für den LOINC-Namen der vollständige Name des Bakteriums aus dem *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*[xix] gewählt. Wenn es sich um ein Virus handelt, (z. B. West-Nil-Virus-IgM-Antikörper), verwendet man die vom *Index Virum*[16] vergebenen Namen.

2.1.2.6 Kreuzreaktionen

Hat ein Test ein Antigen zu einer bestimmten Organismus-Spezies festgestellt und gibt es außerdem eine Kreuzreaktion, die auf einen weiteren, anderen Organismus hinweist, wählt man den Namen des Organismus, um den es bei dem Test ursprünglich ging.

2.1.2.7 Spezifischere Bezeichnungen gehen vor allgemeinen Bezeichnungen

Zu vermeiden sind “direct” und “indirect”, außer als Bestandteile von Synonymen. Ebenso „conjugated“ (*konjugiert*) und „unconjugated“ (*nicht konjugiert*), wenn es einen präziseren Ausdruck – wie z. B.“glucuronidated“ (glucoronidiert) oder „albumin-bound“ (albumingebunden) – gibt.

2.1.2.8 Blutplättchen/Thrombozyten

Setzen Sie “platelets” (*Blutplättchen*) und nicht “thrombocytes” (*Thrombozyten*) ein.

2.1.2.9 Vitamine

Benennen Sie Vitamine mit ihrem chemischen Namen. Z. B. Thiamin und nicht Vitamin B_1. Ein Name, der den Begriff Vitamin enthält, wird als Synonym aufgenommen. Dies ist sinnvoll, denn alle Vitamine verfügen zwar über eine chemische, aber längst nicht alle über eine „numerische“ Bezeichnung wie B_1, B_2, B_6 usw.

2.1.2.10 Antigen oder Antikörper

Spezifizieren Sie immer, ob der serologische Test ein Antigen oder einen Antikörper misst. Die Abkürzung „**Ab**“ steht für Antibody (Antikörper) und Ag für Antigen. Entfernen sie „anti“ aus „ANTI X Ab“. Es ist überflüssig und macht das wichtigste Wort im Namen unverständlich: Aus „***anti****-smooth muscle* ***Ab***“ wird „*smooth muscle* ***Ab***“ (Antikörper gegen glatte Muskulatur, SMA). Gängige Abkürzungen oder verkürzte Namen (z. B. ANA für Anti-Nuklearer Antikörper) befinden sich in den dazugehörigen Namensfeldern.

2.1.2.11 Reagin-Antikörper

VDRL wird Reagin Ab genannt, denn genau darum handelt es sich auch. Wir wären von Synonymen und Pseudonymen abhängig, wenn es darum geht, unsere „standardisierten“ Namen mit den alten Namen gleichzusetzen.

2.1.2.12 Substantiv-Form

Verwenden sie die Substantiv-Form eines Antikörpers: Myocardium Ab und nicht myocardialer Ab

2.1.2.13 Anion/Säure

Anion- contra Säure-Bezeichnung. Verwenden Sie stets für Chemikalien den Anion-Namen und nicht die Bezeichnung Säure: Laktat, Citrat und Urat und keinesfalls Milchsäure, Zitronensäure und Harnsäure. Für die Bezeichnung der Säure ist jeweils ein entsprechendes Namensfeld in der Datenbank vorgesehen.

2.1.2.14 Alkohole

Alkohole: Setzen Sie stets den Alkohol-Namen als ein Wort: Methanol anstatt Methyl-Alkohol, Ethanol anstatt Ethyl-Alkohol, u.s.w.

2.1.2.15 Hydroxygruppen

Schreiben Sie stets OH aus, d.h. Hydroxy oder die Endung -ol, und zwar ohne Leerzeichen oder Bindestrich zwischen Hydroxy- und dem darauf folgenden Wort.

2.1.2.16 Griechische Buchstaben

Die griechischen Buchstaben Alpha, Beta, Gamma, usw. sind immer auszuschreiben. (z.B. alpha Tocopherol und nicht A-Tocopherol) und setzen Sie ein Leerzeichen zwischen den ausgeschriebenen (griechischen) Buchstaben und dem Rest des chemischen Namens.

2.1.2.17 pH-Werte

Setzen Sie pH und nicht log(H+) ein.

2.1.2.18 Allergenbezeichnungen

Wenn möglich sollte die Allergenkomponente immer aus dem wissenschaftlichen Namen des Allergens bestehen.

Achtung: hierbei handelt es sich um eine neue Konvention zur Bezeichnung, die im Januar 2002 eingeführt wurde.

2.1.2.19 „Gesamt“ nur bei Bruch

Vermeiden Sie das Wort “total” in Laborwertbezeichnungen, außer es ist ein Bruch gemeint: also Alkaline phosphatase anstatt Alkaline phosphatase.total jedoch Alkaline phosphatase.boneAlkaline phosphatase.total.

2.1.2.20 Metaboliten

Bei Stoffwechselmetaboliten setzen Sie “Nor” anstatt “Desmethyl” ein, z. B. Nordoxepin und nicht Desmethyldoxepin.

2.1.3 Die Zeichensetzung in Analyt-Namen

Bestimmte Analyt-Namen benötigen Satzzeichen wie z. B. Kommas, um ihren Stellenwert innerhalb der vielfachen Alkyl-Gruppen der Kohlenstoffverbindungen zu kennzeichnen. Wir möchten diese Satzzeichen wie Kommas, Gedankenstriche und Klammern möglichst vermeiden, es sei denn, sie sind schon vorab durch bestimmte Konventionen der IUPAC, dem *Chemical Abstract Service* (CAS) oder von anderen internationalen Einrichtungen zwingend vorgegeben. Kommas gibt es also zwangsläufig in vielen Substituenten von Alkylverbindungen nach dem CAS-Standard, Gedankenstriche in HLA-Antigennamen, und Klammern (z. B. runde Klammern) bei Zellantigenen von Erythrozyten.

2.1.4 Groß- und Kleinschreibung

Die Namen sind unempfindlich (nicht case sensitiv) gegenüber Groß- oder Kleinschreibung. Bis 2006 setzten wir zwar Großbuchstaben in der Datenbank und auch in unseren Beispielen ein, allerdings konnten sich in elektronischen Nachrichten Sender wie auch Empfänger entweder für die Großschreibung, die Kleinschreibung oder auch für eine gemischte Schreibweise entscheiden. Ab Dezember 2006 haben wir, um die Lesbarkeit zu verbessern, Groß- und Kleinschreibung zugelassen. Ein Wechsel bei der Schreibweise darf selbstverständlich niemals den Sinn und die Bedeutung eines Namens verändern und damit eventuell zu Missverständnissen im Rahmen der netzwerkbasierten Informationsübermittlung führen. Um auch diejenigen Namen zu identifizieren, die aufgrund internationaler Konventionen durchaus empfindlich (case sensitiv) auf eine veränderte Schreibweise reagieren, wie z.B. „*red blood cell antigens*“ (Erythrozytenantigene), verwenden wir das Wort „little“ (KLEIN) vor dem Buchstaben, der hier klein geschrieben wird. Eine ähnliche Konvention wird bei Exponenten angewandt: Hier wird das Wort „SUPER“ vorangestellt. Siehe Beispiele in Tabelle 3.

Da manche Systeme in der Lage sind, zwischen Groß- und Kleinschreibung zu unterscheiden, geben wir gemischt geschriebene Namen im Feld EXACT_CMP_SY (*Exact Component Synonym*) (Field #32 – *exaktes Synonym der Komponente*) vor. Die Liste möglicher Zeichen unterbindet die direkte Darstellung von Exponenten, diese sind in dem Datenfeld EXACT_CMP_SY mit einem ("^") – Zeichen dargestellt, z. B. Lu^a.

Tabelle 3: Beispiele für Groß- und Klein-Schreibung

Unsere Konventionen	**Standardmäßig gemischte Schreibung**
L little u super little a	Lu^{a}
little i-1 subtype	i-1 Subtype

2.1.5 Römische und arabische Zahlen

Zahlen sollten nach Möglichkeit immer in der arabischen Schreibweise dargestellt werden. Sollten für einen Namen jedoch römische Ziffern erforderlich sein, wie es z. B. bei den Gerinnungsfaktoren (Faktor VIII) der Fall ist, enthält der verwendete LOINC-Eingangsname ebenso römische Ziffern. Zusätzlich ist noch ein Synonym definiert, welches dann die arabischen Zahlen enthält.

2.2 Komponenten/Analyt – 1. Teil

Der erste Hauptteil umfasst drei Untergruppen:

1. der Stammname (z. B. der Name des Analyts oder die Messung);
2. der Belastungs- oder Toleranztest (u. U. mit Angabe der Zeitspanne, die Substanz des Challenges für diese Tests und die verabreichte Menge sowie die Art der Anwendung) und
3. alle Standardisierungen oder Korrekturen.

Die o. g. drei Unterteilungen werden in folgender Schreibweise dargestellt:

<[analyte].[subclass].[sub-subclass]> ^

<[time delay] post [amount] [substance] [route])> ^

<adjustment>

Gemäß der obigen Syntax sind das (**^**)-Zeichen und der Punkt (**.**) erforderlich zur Abgrenzung und zur Untergliederung des Substanznamens in die jeweiligen Sub-Subspezies.

Es ist außerdem festgelegt, dass Punkt (**.**) und (**^**)-Zeichen keine formalen Bestandteile eines Wortes sein dürfen, wenn sie Namensteile miteinander verbinden.

Zur näheren Erläuterungen dieser Unterteilungen siehe Kapitel 2.2.1 bis 2.2.4.

2.2.1 Benennung des Analyts – 1. Unterteilung

In diesem ersten Teil wird die Analysesubstanz benannt, inklusive aller relevanten Sub-Klassifizierungen. Sie werden von dem Haupt-Analysennamen durch einen Punkt (**.**) getrennt.

2.2.1.1 Klasse/Sub-Klasse

Der Hauptname (der erste Sub-Teil) kann in weitere Unterklassen aufgeschlüsselt werden. Z. B. Calcium alleine ist eine Komponente, Calcium.ionized steht für einen anderen Test, bei dem eine Kalzium-Subklasse untersucht wird. Sub-Klassen werden durch Punkte getrennt. Beispiele für gängige Subklassen: gebunden, frei, biologisch verfügbar, ionisiert oder nicht ionisiert, glycogenhaltig, glucuronisiert oder nicht-glucuronisiert; IgA, IgD, IgE, IgD und IgM. Bei letzteren handelt es sich um Modifikatoren, welche die Antikörpersubspezies angeben. Zu beachten ist, dass „biologisch verfügbar“ und „frei“ zu unterscheiden sind, da der biologisch verfügbare Anteil sowohl aus freien als auch aus teilweise ungebundenen Anteilen bestehen kann.

Sollte ein Antikörper zu einer bestimmten Antikörper-Subklasse gehören, muss diese Unterklasse spezifiziert werden (IgM, IgG, IgA, or IgD) z.B. Hepatitis A virus Ab.IgG, Hepatitis A virus Ab.IgM.

Sobald mehr als eine Spezies in einer Messung vorkommt, muss jedes Spezies in getrennten Unterklassen aufgeführt werden (z.B. Mumps virus Ab.IgG+IgM“). Ein Pluszeichen dient zur Abgrenzung der Unterarten. Es ist darauf zu achten, dass keine Leerzeichen zwischen dem Pluszeichen (+) und den zu verbindenden Wörtern gesetzt werden. Wenn zwei Bestandteile als eine Menge zu erfassen sind, müssen beide benannt und die Komponenten durch ein (+)-Zeichen getrennt werden, z. B. Cyclosporine+Metabolites.

2.2.2 Challenge-Tests – 2. Unterteilung (Belastungs- und Toleranztests)

Die zweite Unterteilung beinhaltet notwendige Informationen zur “Challenge-Test”-Bewertung (Toleranz- oder Belastungstest-Bewertung). Die Ergebnisvariablen, die sich aus dem Untersuchungsergebnis ergeben, müssen differenziert werden und zwar nach dem Ergebnis, das nach einer bestimmten Zeit nach Durchführung des Challenge-Tests auftritt (z. B. Glukose nach einem oralen Glukose-Toleranztest) und nach der Art, wie der Test durchgeführt und wie viel Zeit wiederum hierfür benötigt wurde. Das bedeutet, dass die 2. Unterteilung so strukturiert ist, dass zwischen dem Challenge-Test an sich und dem Zeitintervall bzw. der Zeitverzögerung nach dem Challenge-Test unterschieden werden kann. Folgende Schreibweise mit dem Wort „post“ (oder Basislinie) ist erforderlich:

<time delay> "post" <challenge>

Im Weiteren kann der Challenge-Test folgendermaßen beschrieben werden:

<amount given> <substance/treatment given> <route given>

Ein Beispiel für einen Challenge-Test, der alle Bestandteile beinhaltet, sieht wie folgt aus: Aldosterone^1H post 25 mg captopril PO.. Der Zeitraum wird festgehalten mit n<S|M|H|D|W>, wobei n eine Zahl (möglichst dezimal) ist. S sind Sekunden; M die Minuten, H die Stunden, D die Tage und W die Wochen. Ein Zeitraum wird mit einem „größer als“ (**>**)-Zeichen definiert, z. B. >4H. Aus Tabelle 4 und 5 gehen weitere mögliche Varianten zur Zeitdarstellung hervor, grundsätzlich sind alle Spezialisierungen möglich, welche die o. g. Regeln zur Darstellung bzw. Schreibweise befolgen.

Zusätzlich zur Darstellung eines Zeitraumes nach einem Challenge-Test können diese Angaben auch zur Benennung einer bestimmten Uhrzeit herangezogen werden, wenn es darum geht den Zeitpunkt der Messung, z.B. Glucose^10 AM specimen festzuhalten oder aber auch zur Darstellung der Spezies-Reihenfolge, z. B. ^1st specimen , ^ 2nd specimen . Diese Schreibweise kommt zum Tragen, wenn es um Prä- oder Post-Immunisierungs-Angaben, Akut- oder Rekonvaleszenz-Informationen geht oder es sich um eine Reihe von Spezies handelt, für die keine weiteren Informationen vorhanden sind.

Tabelle 4: Beispiele für Zeitraumangaben für Post-Challenges

BS	Uhrzeit (Basislinie - exakte Uhrzeit vor dem Test)
PEAK	Zeit nach der Wirkstoffverabreichung, maximaler Wirkstoffspiegel (wirkstoffabhängig)
TROUGH	Zeit nach der Wirkstoffverabreichung, minimaler Wirkstoffspiegel (wirkstoffabhängig)

RANDOM	Zeitraum des Challenge oder Wirkstoffverabreichung nicht spezifiziert (Zufallsprinzip)

n Minuten/Stunden/Tage/Wochen/Monate/etc. nach Challenge-Beginn

1M	1 Minute post Challenge	6H	6 Stunden post Challenge
2M	2 Minuten post Challenge	7H	7 Stunden post Challenge
3M	3 Minuten post Challenge	8H	8 Stunden post Challenge
4M	4 Minuten post Challenge	8H SHIFT	8 Stunden – an Pflegeschichtdienst angepasst
5M	5 Minuten post Challenge	12H	12 Stunden post Challenge
6M	6 Minuten post Challenge	24H	24 Stunden post Challenge
7M	7 Minuten post Challenge	2D	2 Tage
8M	8 Minuten post Challenge	3D	3 Tage
9M	9 Minuten post Challenge	4D	4 Tage
10M	10 Minuten post Challenge	5D	5 Tage
15M	15 Minuten post Challenge	6D	6 Tage
20M	20 Minuten post Challenge	7D	7 Tage
25M	25 Minuten post Challenge	1W	1 Woche
30M	30 Minuten post Challenge	10D	10 Tage
1H	1 Stunde post Challenge	2W	2 Wochen
1.5H	1½ Stunden (90 Min) post Ch.	2W	2 Wochen
2H	2 Stunden post Challenge	3W	3 Wochen
2.5H	2½ Stunden post Challenge	4W	4 Wochen
3H	3 Stunden post Challenge	1MO	1 Monat (30 Tage) post Challenge
4H	4 Stunden post Challenge	2MO	2 Monate (60 Tage) post Challenge
5H	5 Stunden post Challenge	3MO	3 Monate (90 Tage) post Challenge

Mit der zweiten Unterteilung können weiterhin Messungen nach Beginn einer noch andauernden Behandlung beschrieben werden. Ein Beispiel wäre hierfür die Bauchfelldialyse, Creatinine^12H post peritoneal dialysis . Etwas allgemeiner formuliert: mit dieser Schreibweise wird festgehalten, dass Untersuchungen aufgezeichnet wurden: ^post partum, ^post surgery oder ^post EDTA therapy.

Die Schreibweise im 2. Teil kann abgestuft spezifiziert werden, damit erkennbar wird, ob es sich beispielsweise um höher oder niedriger spezifizierte Anforderungen handelt. Das hängt davon ab, wie viele Details dem Labor zu dieser Befundungsart bekannt sind.

Beispiele für die vorhandenen Möglichkeiten sind:

Tabelle 5: Beispiele für Zeitraumangaben für Post-Challenges

Analyt	**“^”**	**Zeit**	**“Post”**	**Mengen**	**Sub/Behandlung**	**Applikationsart**
11-Deoxycortisol	^	8H	post	30 mg/kg	Metyrapone	PO
Corticotropin	^	45M	post	dose u/kg	Insulin	IV
Ascorbate	^		post	dose		PO
11-Deoxycortisol	^	2ND specimen	post		XXX challenge	
17-Hydroxyprogesterone	^	6H	post		XXX challenge	
11-Deoxycortisol	^		post		XXX challenge	
Calcium	^	12H	post	12H	CFst	
C peptide	^		post		CFst	

2.2.2.1 Die Erfassung der Messung einer Basislinie als Teil eines Challenge-Tests

Wir definieren einen einzelnen Basislinienterm bei Challenge-Testreihen als Anfangsterm, sofern für diese Anforderung stets die gleiche Dosierung und der gleiche Ablauf definiert sind. Es gibt also einen Basislinienterm beispielsweise bei einem 100 g Glukosetoleranztest (oral), unabhängig davon wie viele unterschiedliche Messungen in der Testreihe vorgesehen sind. Die Basislinie für den Serumglukosewert bei 100 g oraler Glukosegabe wäre:

```
Glucose^pre 100 g glucose PO
```

Ein Labor könnte nun beispielsweise diesen einen Test-Identifikator als Bewertungsgrundlage für einen 2-Stunden oder 3-Stunden Glukose-Toleranztest verwenden.

Wir können unterschiedliche Basislinienmessungen für Laborbefundungen mit unterschiedlichen Substanzen definieren. Die Basislinien-Serumglukosewertmessung bei Tests mit 50 U Insulin wäre als ein anderer Test zu werten als die Basislinien-Serumglukosewertmessung im Rahmen eines oralen Glukose-Toleranztestes. Mit diesen Unterscheidungen in den Basislinientests kommen wir den Anforderungen der Labors nach, da sie ebenso auf diese Weise verfahren. Es verhält sich dabei grundsätzlich so, dass Glukose als Basislinie an sich nicht durch Tests beeinflussbar ist und Glukose ohne Hinweis auf den darauf folgenden Test spezifiziert werden könnte.

Den Applikationsort des Tests bezeichnen wir gemäß HL7, Version 2.3 (Abkürzungen für medizinische Applikationsarten, siehe Tabelle 6). Eine orale Applikationsart würde mit „PO“ gekennzeichnet, eine intravenöse hingegen mit „IV“.

Beispiele:

`Glucose^pre 100 g glucose PO:MCnc:PT:Ser/Plas:Qn`

`Glucose^30M post 100 g glucose PO:MCnc:PT:Ser/Plas:Qn`

`Gentamicin^trough:MCnc:PT:Ser/Plas:Qn`

Bei Wirkstoff-Spitzenwerten (zu einem Zeitpunkt, an dem man annimmt, dass die Konzentration am höchsten ist) und den Minimalwerten (zu einem Zeitpunkt, an dem man annimmt, dass die Konzentration am niedrigsten ist) wird davon ausgegangen, dass die Urform des Wirkstoffes stets mit dem Namen des Analyts identisch ist. Es erfolgt also keine gesonderte Darstellung.

Tabelle 6: Beispiele für Darreichungsformen und Art der Anwendung für den Challengetest-Teil (aus HL7, V. 2.3, Kapitel 4)

Abk.	**Beschreibung**	**Abk.**	**Beschreibung**
AP	Äußere Anwendung	MM	Schleimhaut
B	bukkal	NS	nasal
DT	Dental	NG	naso-gastral
EP	epidural	NP	Nasensonden
ET	Endotrachealtubus	NT	Nasotrachealtubus
GTT	Magensonde (Gastronomy Tube)	OP	ophthalmologisch
GU	Blaseneinlauf	OT	das Ohr betreffend
IMR	Bäder	OTH	andere/Verschiedenes
IA	intraarteriell	PF	Perfusion (Spülungen)
IB	intrabursal	PO	oral
IC	intracardial	PR	rektal
ICN	intracervical (Uterus)	RM	Rebreather – Beatmungsmaske
ID	intradermal	SD	getränkte Kompressen
ICH	Inhalation	SC	subkutan
IHA	intrahepatische Arterie	SL	sublingual
IM	intramuskulär	TP	topisch
IN	intranasal	TRA	Tracheotomie
IO	intraocular	TD	transdermal
IP	intraperitoneal	TL	translingual
IS	intrasynovial	UR	urethral
IT	intrathekal	VG	vaginal
IU	intrauterin	VM	Ventimask – Beatmungsmaske
IV	intravenös	WND	Wunde
MTH	Mund/Rachen		

2.2.2.2 Physiologische Challenges

Manche Challenge-Tests sind mit Begrifflichkeiten aus der physiologischen Stressbelastung festgelegt, nicht anhand der Dosis einer chemischen Substanz. Mit den LOINC-Namen können derzeit beispielsweise das Kalorien-Fasten (keine Kalorienzufuhr), körperliche Übungen und Flüssigkeits-Restriktionen beschrieben werden. Diese Challenges werden durch Kodes, wie in Tabelle 7 aufgeführt, wiedergegeben.

Die Testdauer ist in diesem Fall Bestandteil des Namens.

Z. B. **post <duration><physiologic challenge>**

Z. B. **Triglyceride^post 12H CFst**

Tabelle 7: Beispiele für die Natur der Belastung/Toleranz

Typ	Beschreibung
CFst	Kalorien fasten. Keine Kalorienzufuhr (Nahrung) in der Zeit, die im entsprechenden Zeit-Term festgelegt ist. Z. B. POST 12H CFst
Exercise	körperliche Belastung als Challenge-Test (u. U. mit Wiederholungsangaben)
FFst	Flüssigkeits-Fasten. Keine Flüssigkeitszufuhr innerhalb einer bestimmten Zeit

Die Namensgebung ist exakt gleich strukturiert wie die Bezeichnung chemischer Challenges, z. B. wird ein Glukose-Test nach einer Fastenzeit von 12 Stunden folgendermaßen dargestellt:

```
Glucose^post 12H CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn
```

Ein Osmolalitäts-Test nach 12-Stunden ohne Flüssigkeitszufuhr wäre:

```
Osmolality^post 12H FFst:Osmol:Pt:Urine:Qn
```

Ein Triglycerid-Test nach 12 Stunden ohne Kalorienaufnahme:

```
Triglyceride^post 12H CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn
```

In einer Spezifikation können weiterhin zwei Zeitdauerangaben erscheinen: z. B.

```
Cortisol^1.5H post 0.05-0.15 U insulin/kg IV post 12H
  CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn
```

Unsere Regeln sind hervorragend geeignet für die Bezeichnung von Challenge-Tests, solange auf eine individuelle Intervention ein Test mit einer oder mehreren Komponenten innerhalb einer bestimmten Zeitspanne folgt. Für komplexere Challenge-Tests mit mehr als einer Intervention oder mit komplizierten Analysetechniken ist jeweils ein Einzelname erforderlich – wobei dieser Name keineswegs die vollständige Beschreibung aller Testparameter enthalten wird.

2.2.2.3 Darstellung von Challenge-Charakteristika bei getrennten Untersuchungen

Da es uns nicht möglich ist, jeden möglichen Challenge-Typ oder jede Applikationsart vorauszusagen und es bei manchen Challenge-Tests keine feste Dosis-Angabe gibt, sind für bestimmte Testverfahren keine Dosis-Angaben vorgesehen. Challenge-Untersuchungen ohne spezifische Dosis-Angabe enthalten in ihrem Namen das Wort „dose“ an jener Stelle, an der üblicherweise eine numerische Dosisangabe stehen würde. Die allgemeingülte Form sieht so aus:

<analyte>^<time> post dose <route>

Beispiele:

Glucose^1H post dose insulin IV:MCnc:PT:Ser/Plas:Qn

Die tatsächliche Dosis sollte als Kommentar oder als separater “Befund” mit der Dosisangabe als eigener Wert gesendet werden. Um denjenigen Labors entgegenzukommen, welche die in Frage kommende Challenge-Dosis als eine getrennte Untersuchung festhalten möchten, werden wir gesonderte Testnamen (und Kodes) festlegen, damit diese Dosen berichtet werden können. Diese Dosis wird dann in einem Bericht in einem getrennten OBX-Segment dargestellt. Die Untersuchungsbezeichnung mit der Identifizierung des Dosis-Wertes sieht dann wie folgt aus:

<drug or challenge substance>: <time> post dose <challenge substance>

Beispiele:

Glucose.PO:Mass:Pt:Dose:Qn

Gentamicin:Mass:Pt:Dose:Qn

Hierin wird durch das System (Probe) an sich die Wirkstoff-Konzentration von der Wirkstoff-Dosis unterschieden, und zwar im 4. Teil des Testnamens (Siehe Abschnitt 2.5). Der Teil mit der Wirkstoff-Dosis oder dem Challenge-Test sind in der Gruppe DRUGDOSE in der LOINC-Datenbank untergebracht, wobei dieses Vorgehen praktisch und zeitsparend ist. Unter anderem wird auch eine Beobachtungs-ID mit aufgeführt, die bei Untersuchungsanfragen mitgeschickt werden muss.

Ein weiteres Beispiel:

Oxygen:PPres:Pt:BldA:Qn

Oxygen inhaled:VRat:PT:IhGPt:Inhl gas:Qn
(Liter/Minute/ oder Milliliter/Sekunde)

Oxygen inhaled mechanism:Type:Pt:Dose:Nom
(berichtet über die Applikationsart, z. B. via Nasalkanüle)

Wenn viele unterschiedliche aber zusammenhängende Parameter aufgeführt werden müssen und wenn diese nicht konventionell bereits im Namen eingebettet sind, wird auf analoge Weise vorgegangen; denn teilweise gibt es bei diesen Parametern zu umfangreiche Hierarchieebenen und es wäre anders nicht machbar.

2.2.2.4 Oberbegriffe bei der Challenge-Spezifikation

Bei Challenge-Untersuchungen reicht die Einteilung von „vollständig spezifiziert“ bis hin zu sehr allgemein gehaltenen Oberbegriffen.

Manche Challenges sind, wie oben beschrieben, vollständig spezifiziert, z.B.: ^30M post 100 g glucose PO . Andere wiederum werden ohne Angabe einer spezifizierenden Menge dargeboten - ^30M post dose glucose , und wiederum andere drücken zwar die Zeitspanne, aber nicht den Challenge-Test an sich aus - z.B. ^1H post XXX challenge . Schließlich gibt es solche, die nicht den genauen Zeitpunkt erfassen, aber eine Ordnungsfunktion beinhalten, wie z. B. ^2nd specimen post XXX challenge , oder in noch allgemeinerer Form beispielsweise ^ post XXX challenge .

Zum Erfassen aller Möglichkeiten und Variationen sind diese Abstufungen erforderlich, zumal sich die ursprünglichen Schreibweisen oftmals nicht mit den herkömmlichen Protokollen oder den Bezügen zu Referenz-Laboratorien decken, die keine Untersuchungsberichte erstellen.

2.2.2.5 Akut und rekonvaleszent, prä- und post- Immunisierung

Um die Effizienz von Immunisierungsbehandlungen beurteilen zu können, berechnen wir vor und nach der Behandlung Antikörper. Auch bei Beurteilung einer akuten Infektion unterscheiden wir nach „akut“ oder „rekonvaleszent“. Beide Fälle werden in der Schreibweise der 1. Probe und der 2. Probe erfasst:

Akute Probe, 1. Probe, Präimmunisierungsprobe:

```
Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^1st specimen:ACnc:Pt:Ser:Qn
```

Rekonvaleszensprobe, 2. Probe, Postimmunisierungsprobe

```
Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^2nd specimen:ACnc:Pt:Ser:Qn
```

2.2.3 Anpassungen/Korrekturen – 3. Unterteilung

Die dritte Untergliederung des Datenelements enthält Kalkulationen, die manche Messwerte anpassen oder korrigieren. Dieses Datenelement wird zur Unterscheidung korrigierter oder angepasster Werte bei zunächst unkorrigierten Messungen genutzt. Beispiel: korrigierte Zellzählungen von überschlagsmäßigen Zell-Berechnungen. Da diese Attribute für jede Messung nur einmal vorkommen, werden sie in kurzen Text-Phrasen und nicht mit vorgegebenem Vokabular in der 3. Untergliederung dargestellt. Wie auch immer festgelegt, ein solcher Test bekommt einen eindeutigen LOINC-Kode und seine Bedeutung wird über den Textinhalt der 3. Untergliederung festgelegt.

Beispiel:

```
Calcium.ionized^^adjusted to pH 7.4:SCnc:Pt:Ser/Plas:Qn
Leukocytes^^corrected for nucleated erythrocytes:NCnc:Pt:Bld:Qn
```

2.2.4 Unterscheidung multipler Werte über den Laborwertnamen – 4. Unterteilung

Die Unterscheidung multipler Werte über den Laborwertnamen gilt für sämtliche Laborwerte. In HL7-Nachrichten ist es möglich, mehrere Ergebnisse zu einer Untersuchung anzugeben. Andere Systeme hingegen können die Unterscheidung multipler Ergebnisse pro Untersuchung nicht umsetzen und gestalten ihre Laborwertnamen wie folgt: Organismus 1, Organismus 2 oder Substanz 1, Substanz 2 und kennzeichnen auf diese Weise in ihren Proben multiple Organismen und Substanzen. Diese Darstellungsform wird von uns nicht unterstützt, denn die Unterscheidung von multiplen Organismen und Substanzen kann auf wesentlich eindeutigere Weise mit einem einzelnen Laborwertnamen (z. B. identifizierter Erreger) und der HL7 Sub-ID vorgenommen werden. Wir haben jedoch einige Begriffe für diejenigen Systeme kreiert, welche diese Differenzierung in ihre Laborwertnamen einbinden. Die 4. Unterteilung beim Komponentennamen ermöglicht eine Berichtsform bei wiederholten Untersuchungen zum gleichen Zeitpunkt und/oder mit der gleichen Probe.

Beispiel:

```
Bacteria identified^^^2:Prid:Pt:Stool:Nom:Culture
```

2.3 Art der Eigenschaft, auch „Art der Menge“ genannt – 2.Teil

Der zweite Teil der „voll spezifizierten“ LOINC-Namen unterscheidet zwischen verschiedenen Mengendarstellungen einer gleichen Substanz; z. B. Natrium als Massenkonzentration oder Substanzkonzentration (molar) in einer Urinprobe oder die Zählung der Leukozyten gegen die Prozentangabe der vollständigen Zählung der Eosinophilen gesamt gegen die Prozentangabe der weißen Blutkörperchen. Die Art der Eigenschaft (Art der Menge) basiert auf einem IUPAC-Begriff, der im Silver Book[4] dargestellt ist. Wir unterstützen die meisten relevanten IUPAC-Eigenschaftskategorien (siehe Tabelle „LOINC properties“). Weitere Beispiele finden Sie im Anhang F.

Die wichtigsten Kategorien der Eigenschaften:

1) **Masse**: Untersuchungen, deren Ergebnisse als Masse (Milligramm, Gramm, etc.) in der Ziffer vor der Einheit wiedergegeben werden. Der Eigenschaft wird das Wort „mass“ hinzugefügt: *mass* Inhalt, *mass* Konzentration, etc.
2) **Substanz**: Untersuchungsergebnisse, die in Mol oder Milliäquivalenten angegeben werden, tragen neben der entsprechenden Zahl und der Maßeinheit die Bezeichnung *substance* als Eingangswort.
3) **Katalytische Aktivität**: Untersuchungsergebnisse über Enzym-Aktivitäten beginnen mit der Eigenschaftsbezeichnung *catalytic*, z. B. katalytische Konzentration, katalytischer Gehalt.
4) **Arbiträr**: Ergebnisse mit willkürlichen Einheiten nach der Ziffer besitzen die Eigenschaft *arbitrary* als Eingangswort.
5) **Nummer**: Zählungen sind verknüpft mit der Eigenschaft *number*, z. B. die Zählung weißer Blutkörperchen wird als Nummer der Leukozyten, geteilt durch das Blutvolumen, dargestellt und hätte folglich die Eigenschaft einer numerischen Konzentration.

6) Die Pharmazeutische Industrie benötigt u. a. auch **Ausdrücke, die keinerlei Spezifikation vornehmen** dahin gehend, ob bei einem Test eine Substanz (Substanzkonzentration oder Substanzrate) oder aber eine Masse (Massenkonzentration oder Massenrate) untersucht wurde. Wir haben für diese etwas allgemeine Untersuchungsbeobachtungen die Eigenschaftsbezeichnungen MSCnc oder MSRat bereitgestellt. Sie werden ausschließlich in RELMA dargestellt, wenn ein Anwender eine dieser zwei zusätzlichen Möglichkeiten auf dem *LIMIT SEARCH-Screen (only MS* prop, all MS* prop)* auswählt.

Kategorie der Sub-Typen: Jede der oben aufgeführten Haupteigenschafts-Kategorien besitzt mehrere Abwandlungen: Konzentration, Gehalt, Verhältnis, Anteil und Rate (Siehe Tabelle „LOINC properties“).

- Konzentration: Eine Menge geteilt durch ein Volumen. Die Einheiten hierfür lauten mg/dL oder g/L.

- Gehalt: Eine Menge geteilt durch die Masse. Die Einheiten lauten z. B. mg/g Probe oder mg/Gesamtprotein.

- Verhältnis: Wenn eine Messung durch eine weitere Messung der gleichen Art geteilt wird, erhält man als Eigenschaft eine Verhältniszahl. Das Verhältnis der Massenkonzentration einer Substanz A geteilt durch Massenkonzentration von Kreatinin einer Urinprobe ergibt beispielsweise ein Masse-Konzentrations-Verhältns (MCrto). Die Nummerierung und der Bezeichner eines Verhältnis müssen allerdings aus dem gleichen System stammen. Sollten die Messungen von anderen Proben stammen, z. B. *PT patient/PT control* oder Kreatinin Serum und Kreatinin Urin, so ergibt sich das relative Verhältnis (RelRto). Das Verhältnis bei Zeiten von aktuellen und normalen Kontrollen (z. B. in Koagulations-Tests) stellt ein relatives Zeitverhältnis (RlTm) dar, ein Verhältnis bei Massenkonzentrationen von zwei verschiedenen Proben, wird als relative Massenkonzentration (RlMCnc) dargestellt. Das Verhältnis „katalytische Konzentration“ zu verschiedenen Proben erhält die Eigenschaft der relativen katalytischen Konzentration (RlCCnc).

- Anteile: Sie stellen das Verhältnis eines einzelnen Teiles zu dem Ganzen, in Gramm ausgedrückt, dar: Creatine kinase.MB/Creatine kinase.total. Hierbei handelt es sich um einen Massenanteil. (Anteile werden normalerweise in Prozentzahlen angegeben).

- Rate: Die Rate stellt eine Messung innerhalb eines Zeitraumes dar, z. B. mg/Tag wäre eine Massenrate (MRat). Clearances haben die Eigenschaft der Volumen-Frequenz, allerdings nutzen wir das Wort „Clearance“ in dem Analyt-Namen zur Bedeutungsabklärung: **`Sodium renal clearance:VRat:24H:Urine:Qn`**

Manche Messungen passen nicht in das o.g. Schema. Beispielsweise beschreibt IUPAC eine quantifizierende Entitätsmessung. Gemeint sind damit Messungen, die sich an der spezifischen Menge und Größe z. B. der Zellen, Rezeptoren und Moleküle orientieren. Die Einheiten dieser Messwerte beinhalten normalerweise den Namen der bestimmten Entität, z.B. Erythrozyten („pro 10^6 Erythrozyten“).

Bei dem Mapping (Abbilden) der Bestandteile von Erythrozyten in einen LOINC-Kode muss äußerst aufmerksam vorgegangen werden. Es gibt sehr unterschiedliche Arten, wie sie dargestellt sein können: z.B. nach der „Menge an Hämoglobin“, „pro Liter Blut“ oder „pro Erythrozy-

te“. Bei ersterem handelt es sich um eine Masse-Inhalts-Angabe, bei dem zweiten um die Masse der Konzentration und das letzte ist eine Masse mit Entitäts-Charakter (Masse pro Entität) – alle drei Varianten haben verschiedene Eigenschaften.

Manche Tests gehen so vor, dass sie im Testergebnis zunächst den Namen eines Organismus angeben, (bzw. stellen am Anfang der Angabe fest, dass ein bestimmter Organismus vorhanden ist und identifizieren den Stamm erst später), dann die toxische Substanz, Antikörper oder Antigen. Verwenden sie den Begriff „Prid“ (*Presence or Identity* - Vorhanden oder Identität) in der Eigenschafts-Bezeichnung für Ergebnisse dieser Art.

Beispiel:

`Bacteria identified:Prid:PtIsolate:Nom:Bacterial subtyping`

`Barbiturates positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm`

Tabelle 8:Beispiele für LOINC Eigenschaften

Enzymatische Aktivität

CAct	*Catalytic Activity – katalytische Aktivität
CCnc	*Catalytic Concentration – katalytische Konzentration
CCrto	Catalytic Concentration Ratio – katalytisches Konzentrationsverhältnis
CCnt	*Catalytic Content – katalytischer Gehalt
CFr	*Catalytic Fraction – katalytische Fraktion
CRat	*Catalytic Rate – katalytische Rate
RelCCnc	* Relative Catalytic RatioConcentration – katalytische Verhältniszahl

Entität

EntCat	* Entitic Catalytic Activity – *katalytische Aktivität der Entität*
EntLen	Entitic Length – *Entitätslänge*
EntMass	Entitic Mass – *Entitätsmasse*
EntNum	*Entitic Number – *Enitätsnummer*
EntVol	*Entitic Volume – *Entitätsvolumen*

Masse

Mass	Mass – *Masse*
MAric	Mass Aeric – *Massenvolumen*
MCnc	*Mass Concentration
MCrto	Mass Concentration Ratio – *Massenkonzentrationssverhältnis*
MCnt	Mass Content – *Massengehalt*
MFr	*Mass Fraction – *Massenfraktion*
MRat	*Mass Rate – *Massenrate*
MRto	Mass Ratio – *Massenverhältnis*
RelMCnc	*Relative Mass Concentration – *relative Massenkonzentration*
ThrMCnc	*Threshold Mass Concentration – *Schwellen-Massenkonzentration*

Zählungen

Num	*Number – Anz*ahl*
Naric	Number Aeric (number per area) – *Anzahl pro Flächeneinheit*
NCnc	*Number Concentration (count/vol) – *Anzahl/Konzentration (Zählung/Volumen)*
NCnt	Number Content = Count/Mass – *Anzahl/Inhalt = Zählung/Masse*
NFr	*Number Fraction – *Anzahl pro Fraktion*
NRat	Number Rate = Count/Time – *Anzahl/Geschwindigkeit = Zählung/Zeit*
NRto	Number Ratio – *Anzahl/Verhältnis*
LNRto	Log Number Ration – *Log Anzahl/Verhältnis*
LnCnc	Log Number Concentration – *Log Anzahl/Konzentration*

Substanzmenge (Mol/Milliäquivalent)

RelSCnc	*Relative Substance Concentration – *relative Substanzkonzentration*
Sub	*Substance Amount – *Substanzmenge*
SCnc	*Substance Concentration – *Substanzkonzentration*
Scrto	*Substance Ratio – *Substanzverhältnis*
SCnt	*Substance Content – *Substanzgehalt*
SFr	*Substance Fraction – *Substanz-Fraktion*
SRat	*Substance Rate – *Substanzrate*
Srto	*Substance Ratio – *Substanz-Verhältnis*
ThrSCnc	Threshold Substance Concentration – *Substanzkonzentrationsschwellenwert*
SCncDiff	Difference in Substance Concentration – *Unterschied in der Substanzkonzentration*

LsCnc	Log substance concentration – *Substanz-Verhältnis logarithmisch*

Volumen

Vol	*Volume – *Volumen*
VCnt	*Volume Content – *Volumengehalt*
VFr	*Volume Fraction – *Volumenanteil*
VRat	*Volume Rate – *Volumenrate*
VRatCnt	Volume Rate Content – *Volumenrateninhalt*
VRatRto	Volume Rate Ratio - *Volumengeschwindigkeitsverhältnis*
VRto	* Volume Ratio – *Volumenverhältnis*
RelVol	Relative Volume – *relatives Volumen*
RelVRat	Relative Volume Rate – *relative Volumengeschwindigkeit*
ArEnrg	Energy/Area – *Energie/Fläche*
ArResis	Resistance/Area – *Wiederstand/Fläche*
ArVol	Volume/Area – *Volumen/Fläche*
ArVolRt	Volume Rate Ratio – *Volumenratenverhältnis*

Messungen mit willkürliche Maßeinheit

ACnc	Arbitrary Concentration – *Konzentration nach Ermessen*
ACnt	Arbitrary Content – *Inhalt nach Ermessen*
ThrACnc	Threshold Arbitrary Concentration – *Schwellenwertkonzentration nach Ermessen*
ARat	Arbitrary Rate – *Geschwindigkeit nach Ermessen*
LaCnc	Log Arbitrary Concentration – *Log Konzentration nach Ermessen*
RelACnc	Relative Arbitrary Concentration – *relative Konzentration nach Ermessen*

Zeit

Time	Time - *Zeit*
TmStp	Time Stamp – Date and Time *Zeitstempel, Datum und Zeit*
TRto	Time Ratio – *Zeitverhältnis*
TQ2	Timing Quantity 2 – *quantitative Zeitraumangabe*
RelTime	* Relative Time – *relative Zeit*
DateRange	Date Range - *Zeitbereich*

Andere Eigenschaften

Accel	Acceleration – *Beschleunigung*
Addr	Address – *Adresse*
Anat	Anatomy – *Anatomie*
Angle	Angle – *Winkel*
Aper	Appearance – *Erscheinungsbild*
Arb	*Arbitrary – *arbiträr, nach Ermessen*
Area	Area – *Fläche*
Bib	Bibliographic Citation – *bibliographisches Zitat*
Circ	Circumference – *Umfang*
CircFr	Circumference Fraction – *Umfangsfraktion*
Class	*Class – *Klasse*
Compli	Compliance – *Therapietreue*
CompliRto	Compliance Ratio – *Therapietreuenverhältnis*
Cmplx	Complex – *Komplex*
Desc	Description – *Beschreibung*
Diam	Diameter
Doc	Document - *Dokument*

Dosage	Dosage – *Dosierung*
Elpot	Electrical Potential (Voltage) – *elektrisches Potential (Spannung)*
ElpotRat	Voltage Rate (= Amperage) – *Stromstärke (Ampèrezahl)*
EngCnt	Energy Content – *Energiegehalt*
EngRat	Power = Energy/Time – *Leistung =Energie/Zeit*
EngRto	Energy Ratio – *Energie-Verhältniszahl*
Enrg	Energy – *Energie*
Equ	Equation – *Gleichung*
Fcn	Function – *Funktion*
Find	Finding – *Befund*
FldResist	Fluid Resistance – *Widerstand der Flüssigkeit*
Force	Mechanical Force – *Mechanische Kraft*
Imp	Impression/Interpretation of study – *Beurteilung/Interpretation der Studie*
ID	Identifier - *Bezeichner*
Instrct	Instructions – *Anweisungen*
InvLen	Inverse Length – *Inverslänge*
Hx	History – *Anamnese*
Len	Length – *Länge*
LenFr	Length Fraction – *Längenfraktion*
LenRto	Length Ratio – *Längenverhältnis*
Loc	Location – *Lokalisation, Ort*
MOM	Multiple of the median – *Multiple des Zentralwertes*
Quintile	Quintile – *Quintil*
Morph	Morphology – *Morphologie*
OD	Optical density – *optische Dichte*
Osmol	*Osmolality – *Osmolalität*
Pn	Patient number – *Patientennummer*
Prctl	Percentile – *Prozentanteil*
Prid	Presence or Identity – *Anwesenheit oder Identität*
PPres	*Pressure (partial) – *Druck (partial)*
Pres	Pressure – *Druck*
PresRat	Pressure Rate – Druckgeschwindigkeit
PressDiff	Pressure Difference – *Druckdifferenz*
PresRto	Pressure Ratio – *Druckverhältnis*
Quintile	Quintile

Ratio	Ratios – *Verhältnisangaben*
RelRto	Relative Ratio – *Relativverhältnis*
Resis	Resistance – *Widerstand*
SatFr	*Saturation Fraction – *Sättigungsfraktion*
Seq	Nucleotide sequence – *Nukleotidsequenz*
Shape	Shape – *Form*
Susc	Susceptibility – *Empfindlichkeit*
Temp	*Temperature – *Temperatur*
Tele	Telephone number - *Telefonnummer*
Txt	Text – *Text*
Threshold	*Threshold – *Schwellenwert*
Titr	Dilution Factor (Titer) *Verdünnungsfaktor (Titer)*
Type	Type – *Typ*
Vel	*Velocity – *Geschwindigkeit*
VelRat	*Velocity Rate – *Geschwindigkeitsrate*
VelRto	*Velocity Ratio – *Geschwindigkeitsverhältnis*
Visc	Viscosity – *Viskosität*

Die schwierigste Aufgabe für LOINC-Neulinge scheint in der korrekten Darstellung der Eigenschaften zu liegen. In Anhang F finden Sie weiterführende Erklärungen und viele detaillierte Beispiele.

ACHTUNG: In Anforderungsformularen sollte das Eigenschaftsfeld mit einem (**-**) Gedankenstrich belegt werden.

2.4 Zeit-Aspekt: Zeitpunkt, Moment versus Zeitraum – 3. Teil

Eine Eigenschaft kann entweder zu einem bestimmten Zeitpunkt oder im Laufe eines Zeitraumes, mathematisch ausgedrückt über ein Zeitintervall gemessen werden. Bei letzterem ordnet man eine Reihe physiologischer Zustände jeweils einen Skalenwert zu, der einen Durchschnittswert im Laufe eines spezifizierten Zeitraums wiedergibt. Zeitraummessungen sind unter anderem auch für Frequenz-Messungen von Bedeutung, z. B. bei Ausscheidungen (Substanzgeschwindigkeit oder Massenfrequenz) und Clearances (Volumenfrequenz). Die Menge in einem Zeitraum wird oftmals als Massenquotient (MRat, z. B. g/24 Stunden) oder aber als Substanzquotient (SRat, z. B. mol/24 Stunden) dargestellt. Meistens werden Zeitraummessungen in Zusammenhang mit Urin und Stuhl vorgenommen (z. B. Ansammlung über 24-Stunden, Konzentrationsberechnungen, Gesamtmenge oder Clearance). Weiterhin sind sie insbesondere für klinische Messungen wie beispielsweise bei Urin-Ausscheidungen von Bedeutung, wenn von einem Rund-um-die-Uhr-Betrieb und von 24-Stunden-Gesamtmengen die Rede ist. Die Zählung von Ereignissen wie beispielsweise die Anzahl von Wehen vor einer Entbindung (PVCs) im Laufe von 24 Stunden über einen Holter-Monitor gehören auch zu dieser Kategorie.

Die erlaubten Werte für die nicht einem bestimmten Zeitpunkt zugeordneten Messungen, sind in ihrer Schreibweise identisch zu den Zeit-Belastungs-Tests, z. B **<Zahlenwert><S/M/H/W>**. Am gebräuchlichsten ist die 24-Stunden-Angabe. Die Tabellen 9 und stellen weitere Beispiele vor.

Für eine Urinsammlung gelten 24 Stunden als Standard und diese Messung wird meist als Massenquotient (MRat), Substanzquotient (SRat) oder katalytische Geschwindigkeit (CRat) dargestellt. Im Gegensatz dazu stehen die Untersuchungen des *Spot*-Urins(zufallsermittelt), die wiederum als Zeitpunkt-Messungen (PT) in unsere Nomenklatur eingehen. Diese werden meistens als Konzentration angegeben (MCnc, CCnc oder SCnc für Masse und respektive auch die Katalyse und Substanzkonzentration). Weiterhin sind wir auch in der Lage, den 24-Stunden-Durchschnittswert einer Probe darzustellen. In diesem Fall wäre 24H der Zeitaspekt des Wertes, die Eigenschaft allerdings wäre MCnc/SCnc/CCnc anstatt MRat/SRat/CRat.

24H-Sammlungen und die entsprechenden Tests beziehen sich traditionell auf Verfahren mit Normalbereichen, die sich auf Angaben über die Menge einer Substanz, die im Laufe eines 24-Stunden-Zeitraumes ausgeschieden oder abgegeben werden, stützen. In dem Fall, dass eine Probe nur über 23 Stunden hin gesammelt wurde, wird die Untersuchung trotzdem als 24-Stunden-Test angenommen. Je nachdem wie die individuellen Richtlinien und Verfahren in den entsprechenden Labors aussehen, wird der Wert für 23 Stunden für einen 24H-Zeitraum hochgerechnet. Angenommen die Sammlung läuft tatsächlich über den vollen Zeitraum, wird der Ergebniswert mit Mol pro Tag angegeben.

Auch indirekte Angaben zu einem Zeitfenster sind möglich. Die Bezeichnung **Stdy** gibt die Dauer der Untersuchung (ohne den genaue Zeitpunkt zu spezifizieren) an. **Enctr** steht für den Aufenthalt (stationärer oder ambulanter Krankenhausaufenthalt, etc.). Das Probenvolumen bei Zeit-Messungen wird in weiteren Datenfeldern abgespeichert oder wird als separates „Test“-Ergebnis in einem anderen OBX-Segment festgehalten.

Tabelle 9: Beispiele für Kategorien der Zeit

Pt	Identifikation von Zeitpunkt-Messungen; Synonym für „spot“ oder „random“, wie bei Urinuntersuchungen eingesetzt.
Stdy	Dauer der Untersuchung
Enctr	Dauer des Aufenthaltes (Krankenhausaufenthalt, stationär oder ambulant).
Episode	Episode
Gt 1H	Länger als eine Stunde
Ge 1 Hr	Greater than or equal to 1 hour – *Länger als eine Stunde oder genau eine Stunde*
Lt 1H	Weniger als eine Stunde
Le 1 Hr	Less than or equal to 1 hour – *Weniger eine Stunde oder genau eine Stunde*
Procedure dur	Dauer der Maßnahme (Chirurgie, etc.)
XXX	Nicht spezifiziert, Zeitangabe steht in einem anderen Teil der elektronischen Mitteilung
* (star)	Laufzeit der Einheit, Einsatz bei Blutprodukten.

Beispiele für Zeitangaben

Abk.	Beschreibung	Abk.	Beschreibung	Abk.	Beschreibung
1M	1 Minute	4H	4 Stunden	2D	2 Tage
5M	5 Minuten	5H	5 Stunden	3D	3 Tage
10M	10 Minuten	6H	6 Stunden	4D	4 Tage
15M	15 Minuten	7H	7 Stunden	5D	5 Tage
20M	20 Minuten	8H	8 Stunden	6D	6 Tage
30M	30 Minuten	9H	9 Stunden	1W	1 Woche
45M	45 Minuten	10H	10 Stunden	2W	2 Wochen
90M	90 Minuten	12H	12 Stunden	3W	3 Wochen
1H	1 Stunde	18H	18 Stunden	4W	4 Wochen
2H	2 Stunden	24H	24 Stunden	1MO	1 Monat (30 Tage)
2.5H	2½ Stunden	48H	48 Stunden	2MO	2 Monate
3H	3 Stunden	1D	1 Tag	3MO	3 Monate

2.4.1 Zeit-Aspekt-Modifikator

Eine zweite, optionale Sub-Untergliederung der Zeitkomponente ermöglicht die Angabe einer Sub-Selektion oder auch die Integration von Daten, die im Laufe einer vorab bestimmten Zeitspanne gemessen wurden: **`8H^max`** – *Heart Rate*, stellt den gemessenen Wert der Herzschlag-Maximalfrequenz in 8 Stunden (Shift) dar. min, max, first, last, mean sind optionale Bezeichner in dieser Unterteilungskategorie. Wenn an dieser Stelle nichts eingegeben und gespeichert ist, dann wird von einem allgemeingültigen Wert in dem in Frage kommenden Zeitraum ausgegangen. Gültige Werte für diese Sub-Kategorie sind in Tabelle 10 aufgeführt:

Tabelle 10: Kodes für die Zeitaspekt-Modifikatoren

Zeit	Definition
min	Minimums-Wert im Intervall
max	Maximums-Wert im Intervall
frst	Erster beobachteter Wert im Intervall
last	Letzter beobachteter Wert im Intervall
mean	Durchschnittswert über dieses Intervall (Default)

2.5 System- (Proben-) Typ (4. Teil)

Im 4. Sub-Teil des „voll spezifizierten“ LOINC-Namens wird das System bzw. die Proben-Art untergebracht. Sie enthält zwei Untergliederungen. In der ersten steht das System und in der zweiten – einer optionalen Unterteilung – wird das Super-System (übergreifende Probenher-

kunft) bzw. die Probenquelle mit einem „^“-Zeichen abgetrennt. Wenn es sich hierbei nicht standardgemäß um den Patienten handelt, dann ist es beispielsweise der Fötus, die Einheit des Blutproduktes, ein Spender, o. ä.

Bei einer Kombination aus Komponente (Analyt) und System-Typ (Probe-Typ) definieren wir unterschiedliche Laborbefundwerte. In der Praxis bedeutet dies, dass die Bezeichnungen für Laborbefunde sich auf wenige Probenarten in den Befundnamen beschränken. In chemischen Tests wird gemeinhin zwischen Serum, Urin, Blut oder Cerebrospinalflüssigkeit unterschieden, bei mikrobiologischen Kulturen muss von einer weitaus größeren Anzahl an Quellen ausgegangen werden.

Der erste Teil des Datenfeldes zur Beschreibung des Systems sollte mit einer Abkürzung aus Tabelle 11 belegt werden. Diese Liste ist bindend für die Darstellung von System- oder Probentypen in Datenfeldern der HL7/ASTM-Nachrichten, zumal sie relativ unabhängig bzgl. der Testnamen oder dem Namen der Messverfahren sind. Wir gehen nicht davon aus, dass all diese Bezeichnungen in Tabelle 11 auch zu unterschiedlichen LOINC-Namen führen, es ist aber sichergestellt, dass die Benennung der Systeme mit diesen Kodes erfolgen sollte. Wie auch immer, falls eine Unterscheidung in der Namensgebung bezüglich des Systemtyps erforderlich ist, dann sollte sie auf Basis eines dieser Kodes geschehen.

Für viele Tests aus dem Bereich der klinischen Chemie wurden in der LOINC Datenbank entsprechende Namen hinterlegt um die verschiedensten Körperflüssigkeiten (Body fld), die im Rahmen der unterschiedlichsten Chemie-Tests vorkommen können, kennzeichnen zu können. Auf diese Weise können Tests, die mit Flüssigkeitsarten vorgenommen werden, die wiederum nicht explizit in der Datenbank repräsentiert sind, unterschieden werden. Um ein nicht spezifiziertes Probenmaterial zu kennzeichnen, egal ob nun flüssig oder fest, setzen wir den Code XXX ein.

Wenn eine große Bandbreite unterschiedlicher Arten unter dem unspezifischen Code Body fld zu finden ist, stellt sich allerdings die Frage, ab wann eine bestimmte Körperflüssigkeit ihren eigenen, einmaligen Namen erhalten soll. Die Antwort darauf ergibt sich aus der Häufigkeit, wie oft Labors dieses System-Komponenten-Paar als separates Ergebnis aufgenommen haben und wie häufig für diese System-Komponenten Normalwerte und eine Standardbezeichnung aufgeführt wurden. Anhand dieser Regel sind für Serum und Urin – wenn eine Komponente in beiden nachweisbar ist – stets unterschiedliche Laborwerte zu definieren. Schweiß-Natrium wird beispielsweise als differenzierte Untersuchung festgehalten, da es sich hierbei um einen Standardtest bei der Diagnose einer *Cystitis-fibrinosa* handelt. Für das Natrium in der Duodenalflüssigkeit wurde hingegen kein eigener LOINC-Kode festgelegt, da diese Untersuchung nicht zum Standardrepertoire gehört. Dieses Vorgehen bedeutet allerdings nicht, dass die spezifischen Merkmale dieses Systems einfach unterschlagen werden. Die erforderliche Information wird zwar nicht im Namen, aber in einem weiteren Feld der Mitteilung (dem Proben-Datenfeld des HL7-OBR-Segmentes) festgehalten. Im Allgemeinen spezifizieren wir also den System-Typ für Blut, Urin, Rückenmarksflüssigkeit, pleurale Flüssigkeiten, Gelenkflüssigkeiten und peritoneale Flüssigkeiten.

Für viele Testarten ist eine Differenzierung zwischen Plasma und Serum nicht von Bedeutung. Solange die Tests mit Serum oder Plasma als klinisch äquivalent betrachtet werden, kann das System mit Ser/Plas dargestellt sein. Manchmal kann ein Test aber nur entweder mit Plasma oder Serum durchgeführt werden. Für diesen Fall wird die Komponente in der entsprechenden Untersuchung auch mit Ser oder Plas bezeichnet. Wird ein einzelner Test aber mit beiden

durchgeführt und dabei kommt es zudem zu unterschiedlichen standardisierten Ergebnisse (kommt sehr selten vor), dann wird dieser Sachverhalt von unserer Datenbank (Datei) als zwei unterschiedliche Laborbefundwerte festgehalten: Ein Laborwert mit dem System Plas Bezeichnung und der andere unter System Ser. Die aktuelle Version der LOINC-Datenbank enthält einige Ser-Laborbefundwerte und Plas-Laborbefundwerte, die als Ser/Plas ausgewiesen sein sollten. Sobald diese Tests zu Ser/Plas-Tests erklärt werden, werden wir diesen Punkt ändern.

Falls der Test mit einer Kombination von System-Typen durchgeführt wurde (derart wie das Verhältnis von Substanz ermittelt in CSF und Plasma), dann werden diese Kodes mit einem „+“-Zeichen verbunden: Plas+CSF, Ser+CSF, Isolate+Ser, etc.

Details über exakte Herkunft und Sammelmethode (z.B. Blutprobe aus dem rechten Arm und mit Eis gekühlt) sind kein ordnungsgemäßer Teil des Testnamens und werden demzufolge in anderen Teilen der HL7 Nachricht (z.B. OBX- und OBR-Segment) aufgeführt.

Tabelle 11: Beispiele zu Laborsystem-Kodes für Art der Probe

Abkürz.	**Name**	**Abkürz.**	**Name**
Abs	Abszess	Cvx	Zervix
Amnion fld	Amniotische Flüssigkeit.	Col	Kolostrum
Anal	Anus	Cnjt	Konjunktiva
Asp	Aspirat	Crn	Koma
Bil fld	Gallenflüssigkeit	Dentin	Dentin
BldA	Arterielles Blut		
BldL	Blut-Beutel	Dial fld	Dialyse-Flüssigkeit
BldC	Kapillarblut	Dose	Dosierung Medikament/Substanz
BldCo	Blut, Nabelschnur	Drain	Drainage
BldMV	Blut, gemischt venös	Duod fld	Duodenalflüssigkeit
BldP	Blut , peripher	Ear	Ohr
BldV	Blut, venös	Endomet	Endometrium
Bld.dot	Blut-Filterpapier	RBC	Erythrozyten
Bone	Knochen	Eye	Auge
Brain	Gehirn	Exhl Gas	Exhaliertes Gas (= Atem)
Bronchial	Bronchien	Fistula	Fistel
Burn	Verbrennung	Body fld	Körperflüssigkeit
Calculus	Calculus (= Stein)	Food	Essen
Cnl	Kanüle	Gas	Gas
CTp	Katheter-Spitze	Genital fld	Genital, Flüssigkeit
CSF	zerebrospinale Flüssigkeit	Genital loc	Genital, Lochien
Cvm	Cervix -Mukus	Genital muc	Genital, Mukus

Abkürz.	Name
Genital	Genital
Hair	Haar
Inhl gas	inhaliertes Gas
Isolate	Isolat
WBC	Leukozyten
Line	Linie
Liver	Leber
Lung tiss	Lung tissue
Bone mar	Knochenmark (Knochen)
Meconium	Mekonium
Mlk	Milch
Nail	Nagel
Nose	Nase (Nasengänge)
Nph	Nasopharynx
Penile vessels	Gefäße des Penis
Penis	Penis
Pericard fld	Perikardialflüssigkeit
Periton fld	peritoneale Flüssigkeit/Aszites
Dial fld prt	Peritoneal dialysis fluid
Placent	Plazenta
Plas	Plasma
Plr fld	Plasmabeutel
PPP	Plasma, plättchenarm
PRP	Plasma, plättchenreich
Pus	Eiter
RBCCo	rote Blutzellen, Nabelschnur
Saliva	Speichel
Semen	Seminalflüssigkeit

Abkürz.	Name
Ser	Serum
Skin	Haut
Sputum	Sputum
Sptt	Sputum – Trachealaspirat
Stool	Stuhl = fäkal
Sweat	Schweiß
Synv fld	Synovialflüssigkeit
Tear	Tränen
Thrt	Rachen
Platelets	Thrombozyten (Plättchen)
Tiss	Gewebe, unspezifiziert
Tlgi	Gewebe, Dickdarm
Tsmi	Gewebe, Dünndarm
Trachea	Luftröhre
Tube	Tubus, unspezifisch
Ulc	Geschwür
Urethra	Harnröhre
Urine	Urin
Urine sed	Urin, Sediment
Unk sub	Unbekannte Substanz
Vag	Vagina
Vitr fld	klare Flüssigkeit
Vomitus	Erbrochenes
Bld	Gesamtblut
Water	Wasser
Wound	Wunde
XXX	Wird in einem anderen Feld der Mitteilung spezifiziert.

Wenn ein Test mit einer System-Kombination vorgenommen wird (z. B. das Vorhandensein eines Substanz-Verhältnisses in CSF und Plasma), werden die Kodes mit einem „**+**“ zusammengefügt: PLAS+CSF, SER+CSF, ISLT+SER, etc..

Details über die exakte Quelle und die Entnahmemethode (z. B. Blut aus dem rechten Arm und auf Eis gelegt) sind kein eigener Bestandteil der Laborwertbezeichnung. Diese Angaben werden anderweitig in der Mitteilung untergebracht, z. B. OBX und OBR der HL7-Mitteilung.

Diese, o. g. Abkürzungen werden für die Labor-LOINC-Kodes eingesetzt. Die Systeme in klinischen LOINC-Ausdrücken werden vollständig ausgeschrieben und sind somit einfach zu verstehen.

2.5.1 Das Super-System – 2. Sub-Unterteilung

Die zweite Sub-Unterteilung des Systems ist dem so genannten Super-System vorbehalten, sofern es sich nicht um den Patienten handelt. Hierzu gehören z. B. Blutprodukteinheiten, Knochenmarkspenden oder der Fötus. Sofern dieses übergeordnete Super-System nicht aus dem Namen hervorgeht, wird der Ausdruck „Patient“ zum Standardwert. Für diese Unterteilung haben wir die Begriffe aus Tabelle .

ACHTUNG: der Ausdruck Fötus schließt Begriffe wie Embryo, Plazenta u. ä. mit ein.

Die Darstellung einer Gerinnungsuntersuchung, die Messungen sowohl am Patienten als auch eine Kontrolle vorsieht, wäre beispielsweise:

`Coagulation reptilase induced:Time:Pt:PPP:Qn:Coag`

`Coagulation reptilase induced:Time:Pt:PPP^control:Qn:Coag`

Blutbanken dokumentieren oftmals Antigene von Erythrozyten sowohl für einen Patienten als auch für jedes Blutproduktpack von diesem Patienten. Das heißt:

`A Ag:ACnc:Pt:RBC:Ord`

`A Ag:ACnc:Pt:RBC^BPU:Ord`

ACHTUNG: Der Eintrag des Super-Systems als Systemunterteilung ist eine Ergänzung zur LOINC-Version 1.0K vom Mai 1998. Frühere (heute nicht mehr gültige) Versionen sahen diesen Eintrag in der 4.Unterteilung der Komponente vor.

2.6 Der Skalen-Typ - 5. Teil des LOINC Namens

Der fünfte Teil der Laborwertbezeichnung spezifiziert die Skalierung der Messung, eine zwingend erforderliche Angabe. Abkürzungen für die Mess-Skalierungen (ehemals „Präzision“ genannt) gehen aus Tabelle 12 hervor. Sie müssen in der VSB aufgeführt werden. Beachten Sie bitte, dass mit der LOINC Version 1.0K vom Mai 1998 der Code SQ in ORD und der Code QL in NOM geändert wurde um die Darstellung der Bedeutung zu verbessern.

Tabelle 12: Skalen-Typ

Skalen-Typ	Abkürz.	Beschreibung
Quantitativ	Qn	Das Testergebnis ist ein numerischer Wert, der einer fortlaufenden numerischen Skala zugeordnet wird. Er kann entweder als eine ganze Zahl, eine Verhältniszahl, als eine reale Zahl oder eine Wertebereichs-Zahl dargestellt werden. Der jeweilige Wert des Testergebnisses kann optional mit einem der folgenden Vergleichsoperatoren versehen sein: {<=, <, >,

Skalen-Typ	Abkürz.	Beschreibung
		>=}. Gültige Werte in quantitativen Tests sehen wie folgt aus: „**7“**, „**−7“**, „**7,4“**, „**−7,4“**, „**7,8912“**, „**0,125“**, „**<10“**, „**<10,15“**, „**>12000“**, **1–10**, **1:256**.
Ordinal	Ord	Sortiert Antwort-Kategorien, z. B. „1+, 2+, 3+“, „positiv, negativ“, „reaktiv, unbestimmt, nicht-reaktiv“ (früher SQ genannt).
Quantitativ oder Ordinal	OrdQn	Ein Test kann entweder mit Ord- oder Qn-Ergebnissen dokumentiert werden, z. B. eine antibiotische Empfindlichkeit kann als resistent, vorübergehend, empfindlich oder als mm-Durchmesser des Hemmhofes angegeben werden. (ehemals SQN genannt). **In allen anderen Fällen raten wir vom Einsatz des OrdQn ausdrücklich ab.**
Nominal	Nom	Antworten entweder nominal oder nach Kategorie, da keine natürliche Rangordnung möglich ist, z. B. die Bakteriennamen (als Antwort) oder Kategorien des Erscheinungsbildes, die keine natürliche Rangordnung zulassen, z. B: gelb, klar, blutig. (ehemals QL genannt).
Narrativ	Nar	Textdarstellung, z. B. die Beschreibung des mikroskopischen Anteils einer chirurgischen Papula-Untersuchung.
„Multi“	Multi	Viele Einzelergebnisse können als eine Observation dargestellt werden „glob“.
Dokument	Doc	Ein Dokument in verschiedene Formaten , z.B. XML, Freitext, etc.
Set	Set	Für klinische Anhänge genutzt.

Quantitativ (Qn) steht für die Skalierung physikalischer Mengen durch eine lineare Gleichung. D. h. wenn zwei Anzeigen für eine gleiche Menge vorhanden sind, die eine mit dem Wert 5 und die andere mit dem Wert 10, dann sind diese Werte mengenmäßig durch die lineare Gleichung Y = aX + b miteinander verbunden. Solange b nicht 0 ist, erhält man eine Differenz-Skala (die Fahrenheit-Skala ist eine Differenz-Skala). Ist b aber 0, erhält man eine Verhältnis-Skala (bei der Kelvin-Temperatur handelt es sich um eine Verhältnisskala)[17][18]. Ein Qn-Wert sollte für einen „fortlaufenden“ Skalen-Wert angewandt werden, z. B. bei Serum-Natrium, oder aber bei einem Titer (z. B. 1:16, 1:32) mit „verborgenen“ Werten.

Ordinal (Ord): Bei manchen Untersuchungen erhält man Werte, die nach Kennzeichen sortiert werden, z. B. „vorhanden“ oder „nicht vorhanden“ , „1+, 2+, 3+“, „negativ“, „mittel“ und „positiv“. Diese Werte haben keinen linearen Bezug zueinander. Unklar bleibt, ob „positiv“ beispielsweise zwei oder drei Mal so hoch im Wert zu verstehen ist wie „mittel“. Es wird allerdings davon ausgegangen, dass „positiv“ mehr als „mittel“ bedeutet. Diese Untersuchungen greifen auf eine ordinale Skala (Ord) zurück. Ein Test mit einer Ja- oder Nein-Option ist stets ordinal (Ord). Wenn Tests ein negatives Ergebnis hervorbringen, weil ein quantitativer Wert geringer als angenommen ausfiel, sind sie stets als Qn-Tests zu werten.

Quantitativ/Ordinal (OrdQn): Manchmal und eher selten kommt es vor, dass ein Ergebnis sowohl ordinal als auch quantitativ dargestellt wird. Wichtigstes Beispiel hierfür wäre ein MHK-Wert. Dieser kann entweder mit „resistent, mittel oder empfindlich“ oder aber mit dem MHK-Zahlenwert ausgewiesen werden.

Nominal (Nom): Manche Untersuchungen nehmen Werte ohne relative Ordnung an. Denken Sie diesbezüglich z. B. an die Nummern auf Fußball-Trikots. Diese Zahlen identifizieren zwar den einzelnen Fußballspieler, haben aber keinerlei Informationscharakter: weder im Hinblick auf die Menge noch auf die Rangordnung des einzelnen Spielers. In der Skalierung werden diese nominal (Nom) genannt. Ergebnisse einer Blutkultur sind ein gutes Beispiel für diese Werte: entweder *Escherichia coli* (oder ein Code für *E. coli*) oder *Staphylococcus aureus.* Die Stoffwechseldiagnosen sind als weiteres Beispiel zu betrachten. Jeder Test und jede Messung, die vorwiegend den Patienten oder eine Probe betrachtet und dann eine Feststellung namentlich darstellt, fällt unter die Nom-Skalierung. Werte für nominal-skalierte Untersuchungen müssen aus einer vorab festgelegten und begrifflich restriktiven Code-Liste entnommen werden.

Narrativ (Textdarstellung) (Nar): Manche Untersuchungen werden im freien Text dokumentiert, und ihr Inhalt ist an keine formelle Nomenklatur oder Code-System gebunden. Das Diktat über ein vorhandenes Krankheitsbild fällt beispielsweise unter solch eine freie Textdarstellung (Nar). Viele klinische LOINC-Kodes werden in zwei Versionen erscheinen: zum einen nominal (kodiert) zum anderen in einer Textversion (Freitext).

Wir empfehlen sehr dringend, dass bei jeder Dokumentation in äußerstem Maße auf Detailtreue geachtet wird. D. h., wenn über drei Punkte berichtet werden soll, muss jeder einzelne unter einem separaten LOINC-Kode geführt und in verschiedenen HL7 OBX-Segmenten weitergeleitet werden. Manchmal sind Systeme nicht in der Lage, diesen Anforderungen zu entsprechen: manche Chromatographen differenzieren Chemikalien aus dem gesamten Spektrum bekannter Chemikalien (CAS beispielsweise identifiziert über 10 Millionen verschiedene Chemikalien). In dieser Größenordnung sind wir allerdings nicht in der Lage, LOINC-Kodes bereitzustellen. Daher: mit dem Skalenwert Multi können Ergebnisse mit vielseitigen und unterschiedlich strukturierten Werten als ein Text-„Block“ dargestellt werden, egal ob es dafür ein verfügbares Eingabefeld gibt oder nicht. Manche Labors dokumentieren sämtliche verfügbaren Details aller vorgenommenen Laborwertmessungen mit Hilfe solcher „Blöcke“: sie nehmen Laborwertbezeichnungen zu Hilfe, die sie aus den Auftragsnamen entnehmen. Auf diese Weise wird natürlich das Ziel, dass alle Angaben kodiert werden, untergraben.

ACHTUNG: Da die einzelnen Komponenten auf Anforderungsformularen häufig unterschiedlichen Skalierungen untergeordnet sind, muss die Skala auf diesen Anforderungsformularen stets mit einem Bindestrich (**-**) gekennzeichnet sein.

2.7 Methoden-Typ – 6. Teil

Die Befundungsmethode stellt den 6. Teil der Laborwertbezeichnung bzw. des LOINC-Namens dar. Sie sollte nur dann auftreten bzw. vermerkt werden, wenn bei einer Laborwertbestimmung zwei Mal die gleiche Komponente (Analyt) untersucht wird, jeweils mit unterschiedlicher klinischer Bedeutung oder sofern unterschiedliche, klinische Referenzgrößen angesprochen werden. Ein Glukosetest aus dem Gesamtblut, der mit Teststreifen durchgeführt wurde, sollte als solcher in dem Datenfeld „Methode“ festgehalten werden.

Die Liste mit unterschiedlichen Laborwertmethoden in Tabelle 13 ist begrenzt. Wir haben ausschließlich jene Methoden aufgeführt, bei denen in der Datenbank eine Abkürzung vorliegt oder die einer anderweitigen Erklärung bedürfen. Die meisten Methoden werden in der Datenbank vollständig ausgeschrieben und sollten unmittelbar verständlich sein.

Bei den gebräuchlichsten chemischen und hämatologischen Laborwertbezeichnungen schließen die Labors keine Methodenbezeichnung ein. Sie behalten sich vor, individuell zu entscheiden, welches Messinstrument eingesetzt wird, u. U. abhängig von der Tageszeit und der Dringlichkeit der Anfrage, der Verfügbarkeit des Instrumentes, etc. Dies gilt auch, wenn mit unterschiedlichen Instrumenten die in Frage kommende Untersuchung jeweils anders vorgenommen wird. Diese „austauschbaren“ Instrumente werden dann seitens des Labors den jeweiligen Anforderungskonzepten so angepasst, dass äquivalente Ergebnisse zustande kommen, daher nehmen wir auch keine zu genaue Methodendifferenzierung vor. Auch wenn sie nur selten für die meisten chemischen oder hämatologischen Tests von Bedeutung sind, so ist die Methode doch ein wichtiger Faktor bei Tests immun-chemischer oder serologischer Natur. Hier gilt die eingesetzte Methode als sehr maßgebend, insbesondere in Bezug auf die Genauigkeit und die Empfindlichkeit der Messwerte. Aus diesem Grund finden Sie in der LOINC-Datenbank in der Regel Methodenangaben inkludiert bei mikrobiologischen Untersuchungen und Koagulations-Tests.

Informationen über die eingesetzte Methode sind zwar nicht unwichtig, ihnen kommt aber bei vielen Befundungen keine übergeordnete Bedeutung zu. Die Methodendokumentation ist jedoch ein wichtiger Gesichtspunkt im Rahmen der internen Qualitätssicherung eines Labors. Merken Sie sich aber, dass sowohl Referenzangaben als auch die Methode in anderen speziellen Datenfeldern von ASTM-, HL7- und CEN-TC251-Nachrichten verschickt werden können.

Tabelle 13: Abkürzungen der Methoden

Methode	**Abkürz.**	**Anmerkung**
Agglutination	Aggl	
Coagulation Assay – Koagulations-Assay	Coag	Zum Unterscheiden von Koagulations-Proben basierend auf Gerinnungs-Untersuchungen
Complement Fixation – Komplement-Fixierung	Comp fix	
Computerized Tomography – Computertomographie	CT	
Cytology Stain – Zellfärbung	Cyto stain	Der Färbetest bei Pap-Abstrichen, Feinnadelpunktion und andere Zellfärbungen.
DNA Nucleic Acid Probe – DNA-Nukleinsäuregensonde	Probe	Siehe Abschnitt 2.7.1 mit weiteren Informationen zu Gensonden.
Chromogenic/Enzymatic Assay – Enzymatischer Assay	Chromo	Zur Unterscheidung von Koagulations-Proben auf der Basis chromogener (enzymatischer) Aktivität..
Enzyme Immunoassay – Enzymimmun-Assay	EIA	Fasst Varianten (z. B. ELISA) zusammen.
Flocculation Assay – Flokkulations-Assay	Floc	
Hemagglutination Inhibition – Hämagglutinationshemmung	HAI	
Immune Blot – Immunblot	IB	
Immune Blot – Immunfluoreszens	IF	Encompasses DFA, IFA, FA

Methode	Abkürz.	Anmerkung
Latex Agglutination – Latex Agglutination	LA	
Leukocyte Histamine Release – Leukozytenhistamin-Freisetzung	LHR	
Minimum Inhibitory Concentration – Minimale Hemmkonzentration	MIC	Antibiotika -Empfindlichkeit
Minimum Lethal Concentration – Minimale letale Konzentration	MLC	Auch MBC genannt (Minimale Bakterienkonzentration)
Molecular Genetics – Molekulare Genetik	Molgen	Allgemeine Methodenarten zum Finden genetischer Attribute auf molekularer Basis, inkl. RFL, PCR und andere Methoden.
Neutralization – Neutralisierung	Neut	
Radioimmunoassay – Radioimmuno-Assay	RIA	
Serum Bacterial Titer – Serumbakterizidtiter	SBT	Legt die Serums-Verdünnung fest, die in der Lage ist, Mikroorganismen abzutöten.
Rapid Plasma Reagin - Rapid-Plasma-Reagin-Test	RPR	Mikroskopischer Verklumpung der Antigen-Partikel cardiolipin-lecithin-cholesterol mit cCarbonpartikeln
Ultrasound – Ultraschall	US	
Visual Count – visuelle Zählung	VC	
Venereal Disease Research Laboratory	VDRL	Mikroskopischer Verklumpung

2.7.1 DNS/RNS–Gensonden/Messungen

Wir unterscheiden drei Arten von DNS-Untersuchungsmethoden.

1. Gensonde ohne Amplifikation (Probe)

2. Gensonde mit Target-Amplifikation (Probe.amp.tar)
   Siehe Tabelle 14, eine Liste mit Probe.amp.tar-Methoden der LOINC-Art.

3. Gensonde mit Signal-Amplifikation (Probe.amp.sig)
   Siehe Tabelle 14, eine Liste mit Probe.amp.sig-Methoden im Methodenteil des LOINC-Namen.

Tabelle 14A: Beispiele für spezifische Methoden mit Target-Amplifikation DNS und RNS

Probe.amp.tar (inklusive Nukleinsäure-Target-Amplifikation und Gensonde)		
PCR	Polymerase Chain Reaction – *Polymerase-Kettenreaktion*	Anwendung bei : DNA, RNA *Roche Molecular Systems* (thermale Zyklen) Erfordert wiederholte Erwärmungs- und Abkühlungszyklen – jeder Zyklus verdoppelt das Target.
TMA	Transcription Mediated Amplification -*Transkriptionsvermittelte Verstärkung*	Bei DNS und RNS – *Genprobe, Inc*. (isothermal)
NASBA	Nucleic Acid Sequence Based Analysis – *nukleinsäuresequenzbasierende Analyse*	Bei RNA und DNS *Organon-Tenika Corp* (isothermal)
SDA	Strand Displacement Amplification -	Bei DNS – *Becton Dickinson* (isothermal)
LAT	Ligation-Activated Transcription	
3SR SR	3 Self-Sustaining Sequence Replication	Bei RNS und DNS *Bartel's Diagnostic* (isothermal)
LCR	Ligase Chain Reaction - *Ligasekettenreaktion*	Ebenso eine Methode der Kategorie Proben-Verstärkung. *Abbott Laboratories* (thermale Zyklen)
QBR	Q-Beta Replicase or probe amplification category method	Bei DNS und RNS *Gene Track Systems* (isothermal)

Tabelle 14B: Beispiele für spezifische Methoden - in LOINC als Signalamplifikationsmethoden

Probe.amp.sig (inkl. Nukleinsäure–Signal-Amplifikation und Gensonde)		
HPA	Hybridization Protection Assay	Bei RNS; *Gen-Probe Accuprobe*
BdnA	Branched Chain DNA	Bei DNS und RNS; *Chiron Corp* (isothermal)
---------	Hybrid Capture	

2.7.2 Immun-Fluoreszenz (IF)

Es werden nicht viele Immunfluoreszenz-Tests differenziert. Alle DFA, ACIF sind als immunfluoreszent (IF) klassifiziert.

2.7.3 Immun-Färbung

Wir klassifizieren Peroxydase und alle anderen Gewebe-Immun-Färbungen unter der Kategorie Immunfärbung.

2.7.4 Enzym-Immunoassay (EIA)

Unter EIA klassifizieren wir eine ganze Reihe Enzymvarianten, inkl. ELISA, CEIA, etc.

2.7.5 Gerinnung

Es wird zwischen drei Gerinnungsmethoden unterschieden: „coagulation“ (Coag) – misst die Gerinnungsaktivität, „immune“ (Imm) – misst die Menge an Gerinnungsprotein und nicht die Aktivität, chromogener (Chromo) – misst den Gerinnungsfaktor anhand der Enzymquote (auch enzymatisch genannt).

2.7.6 Färbungen

Es werden sehr differenzierte Unterscheidungen - und zwar mit vollem Namen – zu den verschiedenen Gewebefärbungen vorgestellt. Von der Grundmethode abweichende Färbemethoden werden mit der Kennzeichnung **<basic><modification>** Syntax dargestellt: z. B. **Methenamine silver stain.Jones**

2.7.7 Klinische Messungen

Es wird unterschieden zwischen berichtenden, schätzenden und messenden Werten. Das Körpergewicht z.B. wird von dem Patienten oder einem Stellvertreter „berichtet“, bei der Untersuchung „geschätzt“ oder aber auch „gemessen“.

2.7.8 Bildgebende Verfahren

Wir unterscheiden die wichtigsten Untersuchungen und Messungen, die aus bildgebenden Verfahren abgeleitet werden (Herzleistung nach einem MUGA-Scan, Angiographie, 2D-Echo, Doppler, etc.).

2.8 Kurznamen und angepasste Namen

Mit der LOINC Version vom August 2002 haben wir in der Datenbank und dem Benutzerhandbuch ein neues Datenfeld eingeführt: SHORTNAME. Dieses Feld trägt einen kurzen LOINC-Namen in gemischter Schreibweise. Diese Art Felder sind für alle Laborwerte und Radiologieuntersuchungen verfügbar, mit Ausnahme der Belastungs-Tests (Challenge-Terms), da diese zu viele nicht abkürzbare Details enthalten. Unsere Ausdrücke sollten aus nicht mehr als 30 Zeichen bestehen, damit sie den Platzvorgaben der meisten Laborinformationssysteme gerecht werden. Wir empfehlen dringend den LOINC-Kurznamen bei Übermittlungen von ausgedruckten Mitteilungen als 2. Komponente der HL7-CE-Datentyps zu übernehmen. Die Schreibweise (groß oder klein) ist bei den SHORTNAMES im Gegensatz zu den formalen LOINC-Namen durchaus von Bedeutung. Wenn möglich, haben wir allgemein verständliche Akronyme und Namen gewählt und auf die üblichen formellen Anforderungen der LOINC-Bezeichnungsvergabe verzichtet. Beispielsweise haben wir bei den Kurznamen von Allergenen eher die englische Bezeichnung (da meistens kürzer) und nicht die lateinische Spezies eingesetzt. Die Kurznamen werden in späteren Datenbankversionen Änderungen unterliegen und sollten keinesfalls als Schlüssel-Identifikatoren in Datenbanken verwendet werden.

Bei dieser Namensvergebung wurden tabellenorientierte, algorithmische Prozesse eingesetzt. Alle Akronyme werden groß geschrieben, Organismus-Bezeichnungen – wie in den Bezeichnungskonventionen festgehalten – werden gemischt geschrieben (Genus wird groß, Spezies klein geschrieben). Virus-Bezeichnungen greifen – sofern vorhanden – auf Akronyme im *Index Virum*[16] zurück.

2.9 Langnamen

Das Regenstrief Institut hat immer wieder Anfrage erhalten mit der Bitte, “schöne” Langnamen in die Datenbanken aufzunehmen. Die Kurznamen sind zwar systematisch, aber nicht sehr benutzerfreundlich. Dafür sind Langnamen oftmals mehrdeutig. Nachdem wir von verschiedenen Quellen Langnamen gesammelt und analysiert haben, haben wir entschieden einen neuen Langnamen, basierend auf einem Algorhitmus, anzubieten.

Ab Januar 2009 haben wir ein neues Feld “LONG COMMON NAME” eingefügt, bislang aber nur für die Laborwerte. Diese namen sind mittels eines Algorithmus erstellt worden und auf Eindeutigkeit geprüft. Die Abkürzungen und Akronyme der LOINC Datenbank sind ausgeschrieben worden. Für die Allergene sind die üblichen englischen Benamungen gewählt worden und nicht die lateinischen Bezeichner. Für die Koagulation sind übliche Bezeichner wie “Prothrombinzeit” gewählt worden.

Die Bezeichnungen für die “LONG COMMON NAMES” werden sich im Laufe der Zeit ändern.

3. Sonderfälle

3.1 Befunde als Variablen oder als Werte

Es gibt zwei organisatorische Möglichkeiten, komplexe Tests in einem Bericht darzustellen.

3.1.1 Binär-Darstellung

Geht man von einem Ergebnis-Set „X“ mit fünf „Ergebnissen“ aus, die entweder mit *vorhanden/nicht vorhanden* oder *0/1* bewertet sind, könnte die Darstellung folgendermaßen aussehen:

Befund 1 =	vorhanden	– oder –	1
Befund 2 =	nicht vorhanden	– oder –	0
Befund 3 =	vorhanden	– oder –	1
Befund 4 =	nicht vorhanden	– oder –	0
Befund 5 =	nicht vorhanden	– oder –	0

Jeder Befund ist hier mit einer binären Variablen versehen. Diese Vorgehensweise wird Binärdarstellung genannt.

3.1.2 Multiple-Choice-Darstellung

Alternativ zu der o. g. Vorgehensweise wäre die Darstellung des Befundes mit einer einzelnen Variablen, die jeweils unterschiedliche Werte annehmen kann, möglich (z. B. Multiple-Choice-Fragen):

Variable X – Befund 1, Befund 3

Hier werden die Befunde mit einem Wert für die Variable (X) dargestellt, wobei ausschließlich positive Befunde als Wert aufgenommen werden. Viele Labortests, z. B. der HLA-Antigentest, der Erythrozyten-Antigentest oder ein Screening auf toxische Substanzen, könnten theoretisch auf beide Arten festgehalten werden, ebenso wie der mikroskopische Teil der Differentialzählung oder eine Urinuntersuchung. Die Anamnese oder Befunde körperlicher Untersuchungen (die wirklich umfangreich sind), oder sogar Ergebnisse von Kulturen könnten sowohl im binären als auch im MC-Verfahren dargestellt werden.

Je nachdem in welchem Zusammenhang ein Test zu sehen ist, sind Labors in der Lage, den Erythrozyten-Antigentest sowohl in der Binärdarstellung vorzunehmen, oder alternativ als Multiple-Choice-Darstellung. Routineabfragen erfolgen naturgemäß mit Kreuzen im MC-Verfahren. Ausschließlich positive Ergebnisse aus einem limitierten Gen-Set sind hier relevant und werden erfasst. Sollte der Test allerdings im Rahmen eines Vaterschaftsnachweises vorgenommen werden, so werden die Ergebnisse i. d. R. als Binär-Serien dargestellt.

Blutkulturen können theoretisch als Binär-Serien betrachtet werden:

Test Name	Wert
Escherichia coli	nicht vorhanden
Staphylococcus aureus	vorhanden
Diphtheroide	nicht vorhanden
Streptococcus pneumoniae	nicht vorhanden
Pseudomonas aeruginosa	vorhanden

In der Praxis werden diese Tests allerdings fast immer im MC-Format dargestellt:

Test Name	Werte
Blutkultur	*Pseudomonas aeruginosa, Staphylococcus aureus*

Diese Darstellungsformate werden an dieser Stelle erläutert, damit verständlich wird, dass bei einigen Arten von Laborwerten unterschiedliche Datenformate zum Einsatz kommen, und weshalb wir in der LOINC-Datenbank beide Ansätze ermöglichen (z. B. HLA-Antigentests). Bei einer binären Skala ist die Art der Eigenschaft üblicherweise eine willkürliche Konzentration (ACnc) mit einer ordinalen Skala (Ord). Bei einem MC-Verfahren ist die Skala nominal (Nom) und die Art der Eigenschaft mit *vorhanden* oder *Identität* (Prid) gekennzeichnet.

3.2 Blut-Bank

Die Benennung von Erythrozytenantigenen richtet sich nach dem Standard der *Association of Blood Banks* (AABB)[15]. Zusätzlich zu dem Antigen oder dem Antikörper wird ein Modifikator dem Super-System hinzugefügt (zweite Subgruppe Feld **SYSTEM**). Dieser Modifikator belegt, ob der Test an einem Patienten, einem Spender oder an einem Blutbeutel vorgenommen wurde. Solange es aber nicht ausdrücklich anders festgehalten wird, geht man zunächst immer davon aus, dass ein Test an einem Untersuchungsmaterial vorgenommen wird, welches vom Patienten stammt. Ergänzende Informationen über die Person (viertes Datensegment), wie z. B. der Name des Spenders oder das Verwandtschaftsverhältnis zum Patienten, sollten in anderen OBX-Segmenten oder Kommentarsegmenten der Mitteilung untergebracht werden. Sie sind **kein** Bestandteil des LOINC Namens.

Gerade bei Blutbankdokumentationen wird deutlich, dass es eine Methode geben muss, die sowohl eine Binär- als auch eine Multiple-Choice-Darstellung ermöglicht. Die LOINC-Datenbank stellt Untersuchungsbegriffe für beide Darstellungen zur Verfügung.

3.2.1 Die Binär-Dokumentation

Für jedes darstellbare Antigen gibt es einen eigenen Test. Das heißt, jedes Element eines kompletten Binär-Tests kann mit *negativ/positiv* oder *0/1* ausgewiesen werden.

Die VSB (voll spezifizierten Bezeichner) der Blutgruppen A, AB, B oder 0 (als Untersuchung) sehen folgendermaßen aus:

Messung Serum-Antikörper bei Spenderblutgruppe A:

`A Ab:ACnc:Pt:Ser/Plas^donor:Ord`

Antigen A vorhanden in den Erythrozyten des Spenders:

`A AG:ACNCAg:ACnc:Pt:RBC^DONOR:ORD:AGGL RBCdonor:Ord`

Antigen A vorhanden in den Blutkörperchen eines Blutbeutels, der dem Patienten verabreicht wurde:

`A AG:ACNCAg:ACnc:Pt:RBC^BPU:ORD:AGGL RBCOrd`

3.2.2 Die Multiple-Choice-Dokumentation

Alle gefundenen (oder nicht gefundenen) Blut-Antikörper können auch in einem Ergebnisausdruck wie folgt dargestellt werden:

`Antigens absent:Prid:Pt:BBL^BPU:Nom`

`Antibodies identified:Prid:Pt:Ser/Plas:Nom`

Die LOINC-Datenbank ermöglicht noch weitere Befunddokumentationen: z. B. den Status jedes Blut-Beutels (z.B. Haltbarkeit, Spendetermin, Entsorgung). Sofern ein KIS[6] oder andere medizinischen Informationssysteme es anfordern, sind auch die jeweilige Menge, der Zeitpunkt wann ein einzelnes Blutprodukt verabreicht wurde, der Beuteltyp, die Abwehrreaktionen gegen einen Beutel sowie die Beutel-Kennnummer, kommunizierbar. Das Labor kann diese Informationen als eigenständige Untersuchung aufnehmen.

`Blood product disposition:Type:Pt:^BPU:Nom`

`Blood product type:Type:Pt:^BPU:Nom`

3.3 Immunkompetenz-Studien – Durchflusszytometrie

Die LOINC-Datenbank enthält im Bereich der T-Zellen-Marker abschließend alle Einzelmarker und ebenso die meisten dokumentierten Kombinationsmöglichkeiten der Marker (CD11C+CD20C+ beispielsweise). Bei den meisten handelt es sich um die tatsächliche Anzahl, oder in Prozent angegeben, um die Anzahl der Zellen, die dem T-Zellen-Muster entsprechen und ob sie ggf. als Untergruppe eines Lymphozyten bewertet werden sollten (**`Cells.CDx`**). Es gibt noch weitere Möglichkeiten und diese Zelltypen können ebenso benannt werden, beispielsweise **`Blasts.CD2`** oder **`Abnormal blood cells.CD5`**.

Zwei Mess-Methoden sind von besonderem Interesse:

1. die „absolute“ Zahl dieser Zellen pro Kubikmillimeter wird als Konzentrations-Zahl angegeben.
   Beispiel : **`Cells.CD16C+CD56+:NCnc:Pt:Bld:Qn`**

[6] Anmerkung der Übersetzung: HIS = *Healthcare Information System*, entspricht dem Krankenhausinformationssystem (KIS) aber auch der Praxissoftware im niedergelassenen Bereich (Patientenverwaltungssysteme - PVS).

2. Ein Prozentsatz der Zellen mit den benannten Markern pro 100 Zellen wird als mathematischer Bruch dargestellt.
   Beispiel : **`Cells.CD16C+CD56+/100 cells:NFr:Pt:Bld:Qn`**

Die Datenbank enthält weiterhin voll spezifizierte LOINC Namen für alle herkömmlichen HLA-Antigene, die unter der HLA-Klassifizierung zusammengefasst sind. Mit bestimmten Versuchsmethoden ist es möglich, unzählige Antigen-Unterarten zu definieren. Eine Aufführung aller Varianten würde den Umfang unserer Liste sprengen.

Beispiel : **`HLA-A1:ACnc:Pt:Bld:Ord`**

3.4 Allgemeines zu mikrobiologischen Befundergebnissen

Mikrobiologische Kultur-Laborwerte sind von Natur aus sehr komplex und die Einrichtung standardisierter Laborbefundwertbezeichnungen stellt eine große Herausforderung dar.

Ergebnisstatus (vorläufig, abschließend): sollte nicht als getrennte Untersuchung oder als Teil des Namens aufgeführt werden. Dafür vorgesehen ist das Feld RESULT STATUS FIELD (OBR-25) des HL7-OBR-Segments.

Proben-Typ (Serum, Blut, Urin, etc.): wird im HL7 OBR-Segment mit dem Proben-Herkunftsfeld SPECIMEN SOURCE FIELD (OBR-15) angegeben, sollte aber auch im Namen enthalten sein.

Angaben über die Art der Probennahme: sind in der Regel als OBX- oder Kommentar-Segment definiert und der Kultur-Ergebnismitteilung beizufügen. Der Untersuchungs-Identifikator des OBX-Segmentes trägt den voll spezifizierten Namen „**`SPECIMEN COLLECTION DESCRIPTION:FIND:PT:*:NOM`**“ und man verwendet das Untersuchungs-Unter-Indikator-Feld, um Untersuchungen zu ordnen oder Untersuchungs-Sets zu gruppieren. Das heißt, wenn das Untersuchungsmaterial aus einer Wunde im rechten Oberarm „entnommen“ wird, werden mehrere OBX-Segmente erstellt. Jedes dieser Segmente trägt den Namen „**`SPECIMEN COLLECTION DESCRIPTION:FIND:PT:*:NOM`**“ und im Datenfeld für das OBX-Untersuchungsergebnis steht respektive „Abstrich“, „rechter“, „Arm“ und „Wunde“. Hierbei wird die Detailgenauigkeit dem Ermessen des Anwenders/Probennehmers überlassen. Die Bezeichnung „rechter Arm Wunde“ als Wert in einem einzelnen OBX-Segment könnte durchaus drei Kodes – wie im o. g. Satz beschrieben – ersetzen.

Beschreibung einer Messung und eines Kulturwachstums: wird ebenso als separates OBX-Segment festgehalten und der Kultur-Laborbefundwertmitteilung beigefügt. Der Name des Untersuchungs-Identifikators stellt den Untersuchungskontext dar. Ein quantitativer Bakterientest in einer Probe erhält den Namen:

`Colony count:Num:Pt:XXX:QNQn:VC`

Beschreibungen von Gramfärbungs-Befunden: werden als OBX-Segment festgehalten und der Kultur-Laborbefundwertmitteilung beigefügt. Der Name des Untersuchungs-Identifikators lautet:

`Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram stain`

Ergebniswerte, die mit diesem Test dargestellt werden (Multiple-Choice-Untersuchungsmethode), sollten einen oder mehrere folgender Punkte enthalten:

Epithelzellen

Gram-positive Kokken, kettenförmig

mehrfach gram-negative Diplococci

Erreger, die in einer Kultur gefunden werden: sind als Ergebniswerte in OBX-Segmenten weiterzuleiten. Eine separate Tabelle enthält alle gängigen Namen dieser Erreger und/oder Kodes, damit diese als untergeordnete und interpretierbare Ergebnisse in einer Nachricht verschickt werden können. Die Liste der Bakterienbezeichner von Euzéby[19] oder anderer Autoritäten auf diesem Gebiet (SNOMED wäre eine geeignete Quelle für Erreger-Bezeichnungen) sollten standardmäßig zu Rate gezogen werden. Auch wenn eine „Rachen-Kultur“ als Quelle für eine „Inokulum-Kultur“ gilt, so gibt sie gleichzeitig den Hinweis, welche Medien und welche Techniken im Labor eingesetzt wurden. Man betrachtet es also als Hinweis auf die eingesetzte Methode, und als solches wird dieser Hinweis auch im Methodenteil des Namens aufgenommen. Allgemein bedeutet dies, dass Begriffe wie „Rachen-Kultur“, „Blut-Kultur“ und „*Clostridium-difficile*-Kultur" gleichzeitig Hinweise liefern, auf welche Art und Weise eine Kultur durchgeführt wurde. Beispiele für Kultur-Namen sind:

Bacteria identified:Prid:Pt:Bld:Nom:Culture

Bacteria identified:Prid:Pt:Brn:Nom:Culture

Bacteria identified:Prid:Pt:Stool:Nom:Culture

Methoden-Bezeichnungen für die direkte Einfärbung einer Probe oder eines Materials (wenn viele Untersuchungsbeschreibungen möglich sind):

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram stain

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Dry mount

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:India ink preparation

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Trichrome stain

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Giemsa stain

Namen für Ergebnisse aus Färbeprozeduren an Erregern, die in einer Kultur wachsen, tragen den Begriff Isolate (ISLT) für das System oder die Probenart.

Beispiel:

Fungus identified:Prid:Pt:Isolate:Nom:Fungal subtyping

Namen für Erreger-spezifische Kulturen:

Brucella sp identified:Prid:Pt:Bld:Nom:Organism specific culture

Bordetella pertussis:ACnc:Pt:Thrt:Ord:Organism specific culture

Chlamydia sp identified:Prid:Pt:Gen:Nom:Organism specific culture

Legionella sp identified:Prid:Pt:Sputum:Nom:Organism specific culture

Bitte beachten Sie, dass wenn ein Laborwert sich auf eine bestimmte Erregerart bezieht, die Komponente mindestens den Zusatz *AND Spezies* beinhalten sollte. Wird die Messung an einer Spezies-Serie innerhalb einer Familie vorgenommen, wird der Zusatz „SP“ hinzugefügt. Ist eine Sub-Gruppe dieser Art gemeint, sollte diese Subgruppe benannt werden.

Methoden-Namen für allgemeine Erreger-Arten:

`Fungus identified:Prid:PT:Wound:Nom:Culture`

`Bacteria identified:Prid:PT:CSF:Nom:Culture`

Das heißt: der Ergebniswert dieser Tests besteht entweder aus dem Erregernamen oder einer Aussage darüber, wie die Kultur entstand. Die unten stehende Tabelle enthält gängige Werte des Kulturergebnisses in einem OBX-Segment:

Tabelle 15: Beispiele für Kultur-Ergebnisse

Kein Wachstum
Gram-positive Kokken
kleine Gram-negative Stäbchen
Escherichia coli
Normale Flora
Candida albicans

Die Bezeichnung Presence or Identity (Prid) wird als Eigenschaft verwendet, wenn ein Laborwert einen Satz verschiedener, ansteckender Erreger identifiziert. Enthält eine Kultur Herpes-Viren, so handelt es sich um den Herpes-Virus 1, Herpes-Virus 2, etc. Hier wäre die Eigenschaft Prid angebracht. Wenn bei einer Herpes-Virus-Kultur die Antwort mit *positiv* oder *negativ*, *ja* oder *nein* angegeben wird, sollte die Eigenschaft arbiträre Konzentration (ACnc) lauten und die Skala entsprechend ordinal (Ord) sein.

3.5 Antibiotika-Empfindlichkeiten

Die Tests für Wirkstoff-Empfindlichkeiten (Arzneimittel-Suszeptibilität) sind in der LOINC-Datenbank unter der Klassifizierung ABXBACT zu finden. Die Bezeichnung für Antibiotika-Suszeptibilität setzt sich zusammen aus: dem allgemeinen Namen des gestesteten Wirkstoffes, der Testmethodik und der Eigenschaft Suszeptibilität (Susc) und den Skalen Quantitativ (Qn), Ordinal (Ord) oder OrdQn. Eine sinnvolle Schreibweise wäre also

`Ampicillin:Susc:Pt:Isolate:OrdQn:MIC`

`Ampicillin:Susc:Pt:Isolate:OrdQn:Agar diffusion`

`Ticarcillin+clavulanate:Susc:Pt:Isolate:Qn:MLC`

Tabelle 16 listet Methoden bei Wirkstoff-Empfindlichkeitstest auf:

Tabelle 16: Methoden bei Wirkstoff- Suszeptibilität

Agar Diffusion	Bacterial sensitivity via agar diffusion (Kirby-Bauer) *Bakterielle Empfindlichkeit durch Agar-Diffusion (Kirby-Bauer)*
MIC	Minimum inhibitory concentration – *Minimale Hemmkonzentration*
MLC	Minimum lethal concentration – *Minimale Letalkonzentration*
SBT	Serum bactericidal titer – *bakterizider Titer im Serum*
Gradient Strip	Susceptible by E-Test or gradient strip method *Empfindlich via E-Test oder Gradientenmethode*

Für jedes antimikrobiotische Agens gibt es auch methodenfreie Kodes.

3.6 Zell-Zählungen

Es gibt drei Arten um quantitative Zellzählungen verschiedenen Typs aus Blut, im Urin, in der Cerebrospinalflüssigkeit und anderen Körperflüssigkeiten darzustellen. Hämozytenzählungen werden meistens als absolute Zählung pro Volumeneinheit (Eigenschaft Anzahl /Konzentration NCnc) oder als Prozentangabe eines allgemeinen Zelltyps – z. B. Prozentsatz Eosinophile – dargestellt (Eigenschaft Anzahl /Fraktion NFr). Hämozytenzählungen erfolgen entweder manuell oder automatisch. Zählungen im Urin oder in anderen Körperflüssigkeiten können ebenso direkt und mit den Eigenschaften NCnc oder NFr vorgenommen werden. Eingegeben werden sie jedoch hauptsächlich mit einer Einheiten-Zahl oder durch ein mikroskopisch ermitteltes Feld hoher oder geringer Vergrößerung (z. B. 5–10 Zellen in einem High-Power-Feld). Hierbei handelt es sich um tatsächliche Anzahlen auf einer bestimmten Oberfläche (Eigenschaft Naric), z.B.die Anzahl von Erythrozyten, die sich in einem Low-Power-Feld befinden, würde folgendermaßen erfasst:

```
Erythrocyte casts:Naric:Pt:Urine sed:Qn:Microscopy.light.LPF
```

Anmerkung: Auch wenn es sich um Werte in einem bestimmten Wertebereich handelt, bleibt die Skalierung Quantitativ (QN) erhalten, da diese Werte auch durch eine Verhältniszahl dargestellt werden könnten. Wir setzen HPF oder LPF ein, um **H**igh-**P**ower oder **L**ow-**P**ower-Felder zu differenzieren. Große Einheiten (z. B. casts) werden in der Regel im Low-Power-Feld, kleinere Einheiten im High-Power-Feld ermittelt.

Eine weitere Erfassungsweise dieser Einheiten wäre, sie auf rein ordinale Art und Weise festzuhalten, und zwar mit Begriffen wie „keine“, „einige“, „wenige“, „erhebliche“, die wiederum die Eigenschaftarbiträre Konzentration (ACnc) und damit eine ordinale Skala haben müssen.

Beispiel:

```
Erythrocytes:ACnc:Pt:Semen:Ord:Microscopy.light
```

3.7 Haut-Tests

Hauttests folgen dem Muster der Challenge-Tests. Beispielsweise heißt ein TB-Hauttest

```
Tuberculosis reaction wheal^3D post 25 TU ID:Len:Pt:Skin:Qn
```

TU bedeutet Tuberkulin, ID bedeutet intradermal, Len kennzeichnet ein Längenmaß (Durchmesser der Quaddel) etc.

3.8 Toxikologie – Drogenmissbrauchs: Screening und Nachweis

In der Toxikologie kommen viele Testmethoden zum Einsatz.

Im Screening:	HPLC, EIA, TLC, RIA, GC und manchmal GCMS
Im Nachweis:	GCMS, LCMS, GC und HPLC

Tabelle 17: Drogenmissbrauch – Methoden

HPLC	high pressure liquid chromatography – *Hochleistungs-Flüssigkeits-Chromatographie*
TLC	thin layer chromatography – *Dünnschichtchromatographie*
GC	gas chromatography – *Gaschromatographie*
EIA	enzyme immuno assay – *Enzymimmunoassay*
RIA	radioimmunoassay – *Radioimmunoassay*
GCMS	gas chromatography/mass spectrometry – *Gaschromatographie/Massenspektrometrie*
LCMS	liquid chromatography /mass spectrometry – *Flüssigkeitschromatographie/Massenspektrometrie*

Viele Labors setzen GCMS zur Bestätigung eines Screenings ein und weisen hiermit gleichzeitig darauf hin, dass ein Screening vorangegangen ist, wobei es auch andere Bestätigungsverfahren gibt. Eine bestimmte Methode kann demnach alternativ entweder für ein Screening *oder* aber zum bestätigenden Nachweis genutzt werden. Wichtig ist jedoch immer, dass sich die Methoden für das Screening und für den Nachweis unterscheiden, und dass jede jeweils mit den adäquaten Mitteln entweder für das Screening oder den Nachweis durchgeführt werden. Das LOINC-Komitee hat beschlossen, dass der Unterscheidung zwischen Screening und Nachweis eine wichtige Bedeutung zukommen muss und dass die Worte „*Screen*“ und „*Confirm*“ im Methoden-Teil des Namens einzufügen sind, anstatt eine spezifische Methode tatsächlich zu benennen. Folglich unterscheidet LOINC die toxikologische Methode durch SCREEN und CONFIRM und nicht durch extern differenzierte Methoden.

Toxikologische Tests werden entweder für Wirkstoff- bzw. Substanz-Gruppen oder für einzelne Wirkstoffe/Metaboliten bzw. Substanzen durchgeführt. Wir werden LOINC-Namen und Kodes für beide Kategorien erarbeiten: Analyt-Gruppen, z. B. „Barbiturate“ und einzelne Analyte, z. B. „Phenobarbital“.

Gruppentestergebnisse gibt man normalerweise ordinal *(vorhanden/nicht vorhanden)*, möglicherweise aber auch als Massenkonzentrationen an, wenn der Zähler der Gesamtmasse der zu spezifizierenden Substanz entspricht. Handelt es sich um Gruppen, müssen diese nach dem Screening durch einen Nachweis auf der Gruppenebene bestätigt werden. Möglich ist auch der Nachweis eines einzelnen Wirkstoffes/Substanz ausschließlich auf der Nachweis- und Bestätigungs-Ebene. Einzelne Wirkstoffe/Substanzen müssen mit *vorhanden* oder *nicht vorhanden (Ord)* gekennzeichnet oder aber als Angabe einer Massen-(Substanz)-Konzentration (Qn) dokumentiert werden.

Werden einzelne Wirkstoffe/Substanzen ordinal nachgewiesen, so muss der Schwellenwert-Nachweis (der Wert, ab dem in einem Test der Befund positiv bewertet wird) als getrenntes „Ergebnis“ aufgeführt werden. Dieser „Cutoff“ (Schwelle *positiver/negativer* Wert) kann mit differenzierten LOINC-Kodes dargestellt werden.

3.8.1 Toxikologische Wirkstoff-Gruppen

Grundregeln: für jede Wirkstoffgruppe (Amphetamine, Benzodiazepine, Opiate, etc.) sind folgende LOINC-Untersuchungen vorgesehen:

a) Screening für eine Wirkstoffgruppe bzw. für eine Gruppe toxischer Substanzen

"X":ACnc:Pt:Ord:SYS:Screen für die gesamte Gruppe
(Antwort = vorhanden/nicht vorhanden)

z. B. **Amphetamines:ACnc:Pt:Urine:Ord:Screen**
Beispielantwort: „vorhanden“

b) Bestimmung des Wirkstoff-/Substanz-Sets aus dem Gruppenscreening. Die Antwort ist eine Liste mit verschlüsselten Wirkstoff-/Substanz-Namen oder Kodes

"X" tested for:Prid:Pt:SYS:Nom:Screen
(Antworten = einzelne Wirkstoffe, die aus diesem Screening hervorgingen und in einer festen Liste enthalten sind.)

z. B. **Amphetamines tested for:Prid:Pt:Urine:Nom:Screen** (nominal)
Beispiel-Antwort = „Amphetamin, Methamphetamin, Dextroamphetamin, Levoamphetamin, Pseudoephedrin“

c) Identifizierung der Wirkstoffe/Substanzen aus dem Screening (u. U. auch weitere Informationen). Die Antwort ist eine Fließtextdarstellung.

"X" tested for Prid:Pt:SYS:Nar:Screen
(Antworten = einzelne Wirkstoffe, die durch diesen Screening-Test ermittelt wurden, dargestellt als Fließtext)

z. B. **Amphetamines tested for:Prid:Pt:Urine:Nar:Screen** (erläuternd)
Antwortbeispiel = “Der EMIT-Urin-Screen nach Amphetaminen weist Amphetamin, Methamphetamin, Dextroamphetamin, Levoamphetamin auf und deutet auf Methamphetamin-Missbrauch hin. Der Test reagiert auch auf gängige, frei

verkäufliche Sympathomimetika aus Nasensprays. Ein positives Ergebnis muss durch eine quantitative Methode bestätigt werden, damit ein Nicht-Missbrauch belegt werden kann.

Fällt das Screening-Ergebnis negativ aus, unterbleibt der zusätzliche Kontrolltest. Umgekehrt ist es bei einem positiven Screening-Ergebnis erforderlich, eine Bestätigungs-Untersuchung (Kontrolle) dieses Ergebnisses mit einer zusätzlichen unabhängigen Methode durchzuführen.

d) Kontrolltests für das Vorhandensein eines oder mehrerer Wirkstoffe aus einer Gruppe müssen als Einzelergebnisse dargestellt werden.

"X":ACnc:Pt:SYS:Ord:Confirm
(Antworten = vorhanden/nicht vorhanden)

z. B. **Amphetamines:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm**
Beispielantwort: „vorhanden“

e) Auflistung der schließlich festgestellten Wirkstoffe/Substanzen

"X" positive:Prid:Pt:SYS:Nom:Confirm
(Antworten = Liste der ermittelten Analyte)

z. B. **Amphetamines positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm**
Beispielantwort: „Dextroamphetamin, Methamphetamin“

f) Gängiger ist, dass der Kontroll-/Bestätigungstest als Untersuchungs-Set dargestellt wird: ein Set zum Bestätigen des Vorhandenseins (oder der gemessenen Menge) eines jeden Analyts in der Gruppe.

"X":ACnc:Pt:SYS:Ord:Confirm
(Antworten = vorhanden/nicht vorhanden)

oder

"X":MCnc:Pt:SYS:Qn:Confirm
(Antworten = quantitative Menge)

z. B.

Amphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm [vorhanden]
Dextroamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm [vorhanden]
Methamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm [vorhanden]
Levomethamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm [vorhanden]

3.8.2 Schwellenwerte – Cutoffs

Die Schwellenwerte für Screenings bzw. Bestätigungs-Nachweise von Substanzen oder Substanzgruppen sind in der Regel unterschiedlich. Es gibt drei Möglichkeiten, mit LOINC diese Schwellenwerte darzustellen.

a) Wir haben unterschiedliche LOINC-Ausdrücke für die Schwellenwerte gängiger missbräuchlich verwendeter Substanzen oder Substanzgruppen

"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen
"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

z. B. **Amphetamines cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen**
Beispielantwort: „1000 ng/ml“

z. B. **Methamphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm**
Beispielantwort: „500 ng/ml“

b) Zwei allgemeine Schwellenwert-Bezeichnungen: einen für das Screening und einen für den Nachweis, kann auf jede Substanz angewandt werden und zwar unabhängig davon, ob bereits ein aufeinander abgestimmter Ausdruck vorhanden ist oder nicht.

XXX cutoff:MCnc:Pt:SYS:Qn:Screen
XXX cutoff:MCnc:Pt:SYS:Qn:Confirm

c) Gängige Schwellenwerte, wie sie beispielsweise für Regulierungseinrichtungen erforderlich sind, werden von uns in vorab aufeinander abgestimmten Benennungen zum Markieren von „*vorhanden/nicht vorhanden*“-Ergebnissen inklusive Schwellenwertangabe im Methodendatenfeld vorgegeben:

"X":ACnc:Pt:SYS:Ord:Screen>"N"
"X":ACnc:Pt:SYS:Ord:Confirm>"N"

z.B. **Amphetamines:ACnc:Pt:Urine:Ord:Screen>1000 ng/mL**
Beispielantwort: „nicht festgestellt“

3.8.3 Darstellung der Screening- und Nachweis-Methode

Ein Screening oder eine Nachweis-Methode wird folgendermaßen dargestellt:

“X” SCREEN METHOD:PRIDscreen method:Prid:Pt:SYS:NOMNom:*

“X: CONFIRM METHOD:PRID” confirm method:Prid:Pt:SYS:NOMNom:*

Normalerweise würden diese zusammen mit Begriffen für Hierarchieebenen oder mögliche Schwellenwerte dokumentiert, wie im folgenden Beispiel dargestellt:

Amphetamines:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm [Antwort = positiv]

Amphetamines cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen [Antwort = 1000 ng/ml]

Amphetamines screen method:Prid:Pt:Urine:Nom:* [Antwort = EIA]

Amphetamines positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm [Antwort = amphetamine, methamphetamine]

Amphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm [Antwort = 500 ng/ml]

Methamphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm [Antwort = 500 ng/ml]

Amphetamines confirm method:Prid:Pt:* Urine:Nom:* [Antwort = GC/MS]

3.8.4 Individuelle Wirkstoff-/Metabolit-Testergebnisse

Einzelne Substanzen können als Screen (ordinal), als Nachweis (ordinal), als Nachweis (quantitativ – in der Regel als Massen- oder Substanzkonzentration) berichtet werden. Gruppen-Testscreens sollten durch Gruppen-Nachweise (wie oben beschrieben) bestätigt werden, wobei aber auch Einzel-Nachweise (sowohl ordinale wie auch quantitative, je nachdem was ein Labor bevorzugt) möglich sind.

a) Individueller Screen-Test (ordinal)

Methamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Screen

Beispielantwort: „vorhanden“

b) Individueller Nachweis-Test (ordinal)

Methamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm

Beispielantwort: „vorhanden“

c) Individueller Nachweis-Test (quantitativ)

Methamphetamine:ACnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

Beispielantwort: „250 ng/ml“

Einzelne Tests können auch einfach quantitativ (ohne Nachweis oder Screen) dargestellt werden. Dies ist in der Wirkstoffüberwachung im therapeutischen Bereich so üblich.

d) Einzelne Substanzen, quantitativ gemessen; hier ist ein Screening oder Nachweis nicht erforderlich

Digoxin:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Beispielantwort: „1.2 ng/ml“

3.8.5 Weitere Aspekte der Bezeichnung

Nachweise orientieren sich meistens an spezifischen Analyten. Niemand würde beispielsweise nach Tetrahydrocannabinol suchen, eher nach Delta-9-tetrahydrocannabinol, 11-hydroxycannabinol, etc.

3.8.6 Zusammenfassung

Für jede „Gruppe“ legt der LOINC folgenden Begriffsrahmen fest:

"Analyte group":Cnc:Pt:Urine:Ord:Screen

"Analyte group":ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm

"Analyte group":MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

"Analyte group" tested for:Prid:Pt:Urine:Nom:Screen

"Analyte group" tested for:Prid:Pt:Urine:Nar:Screen

"Analyte group"positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm

"Analyte group"screen method:Prid:Pt:Urine:Nom:*

"Analyte group" confirm method:Prid:Pt:Urine:Nom:*

Für jeden Einzel-Analyt legt der LOINC nun folgende Begrifflichkeiten fest:

Analyte:ACnc:Pt:Urine:Ord:Screen

Analyte:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm

Analyte:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

Analyte:MCnc:Pt:Urine:Qn

Analyte cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen

Analyte cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

3.9 LOINC-Bezeichnungen in der Molekular-Genetik

3.9.1 Einleitung

Laboranalysen und Testverfahren im Bereich der Molekular-Pathologie sind sehr vielseitig einsetzbar: Es gibt Tests auf Infektionskrankheiten, um Erreger und Erreger-Mutationen festzustellen, Tests bei Gen-Analysen, um Mutationen, Substitutionen, Löschungen, Insertionen, Frame-Shift Mutationen und Trinukleotidsequenzwiederholungen zu belegen, Tests um spezifische Chromosomentranslokationen und Klonalität in der Leukämie und bei Lymphomen darzustellen, Tests zum Identifizieren verschiedener Gene, die mit Tumoren in Verbindung gebracht werden. Weiterhin gibt es Elternschaftstests, bzw. Tests zur Ermittlung der Wahrschein-

lichkeit, dass eine Person Vater oder Mutter eines Kindes ist. Im forensischen Bereich geht es um Tests an Genmaterial, deren Ergebnisse u.a. als Beweisgrundlage zur Überführung von Kriminellen dienen.[21]

3.9.2 Terminologie

Die gängigsten Methoden sind die Southern-Blot-Methode (durch Hybridisierung an genomisch – mit Restriktionsenzymen – veränderten DNA-Fragmenten), die Northern-Blot-Methode (Hybridisierung aller RNS-Zellen, naturgemäß in kleineren Segmenten anzutreffen) und die RFLP-Methode (Längenvariabilität von spezifischen DNA Sequenzen – *Restriction Fragment Length Polymorphism*). Diese RFLP-Methode ist abhängig von den VNTRs (unterschiedliche Zahl von Tandem-Wiederholungen – *Variable Number of Tandem Repeats*). Diese sind zwar normal, aber in der DNS eines jeden Menschen unterschiedlich. Bei einer Verknüpfung von *Southern Blot* mit RFLP können Mutationen herausgefiltert werden, deren exakte molekulare Gen-Chemie nicht bekannt ist. Der Vollständigkeit halber möchten wir an dieser Stelle noch die Western-Blot-Methode aufführen. Hier ist der „Blot“ analog zur Protein-Analyse.

Bei der *in-situ* Hybridisierungsmethode appliziert man Proben auf intaktes Gewebe. Die Zellstrukturen der Homologien werden anschließend mikroskopisch abgelesen. Es gibt viele Methoden für solche *in-situ* Proben, u. a. der sehr verbreitete FISH-Test (Fluorescent *in-situ* Hybridization), eine zur Immun-Färbung analoge Technik. Allerdings findet hier die molekulare Bindung nicht auf Basis von Antikörper-Antigen-Reaktionen statt, sondern auf Basis von DNS/ RNS-Homologien.

Mit DNS-Chips können vollkommen neue Wege bei der Identifizierung von DNS- und RNS-Sequenzen beschritten werden. Mit der patentierten AFYMETRIX®-Technik können die Nukleosidstränge mit Lithographie-artigen Methoden dargestellt werden. Die mit einem Detektor versehene Ziel-DNS kann schrittweise über den Chip gespült werden und der Marker auf dem Chip kennzeichnet die DNS- oder RNS-Proben.

Identitätstests werden zur Feststellung von Verwandtschaftsverhältnissen zwischen Personen durchgeführt und unterliegen sehr komplexen Fragestellungen. Bei einem Vaterschaftstest ist es hilfreich, auf die DNS von dem Kind, dem möglichen Vater und auch der Mutter zurückzugreifen, um so die Allele des Vaters differenzieren zu können.

Am häufigsten wird Blut im Rahmen molekular-pathologischer Untersuchungen benötigt. Die DNS stammt aus den Leukozyten, dem Knochenmark, von Tumoren sowie weiteren forensischen Proben, die für molekular-pathologische Untersuchungen ebenfalls von Bedeutung sind.

Forensische Untersuchungen unterliegen besonders strengen Kriterien. Meistens werden die Antigen-Bluttests mit einem RFLP-Test kombiniert durchgeführt und die Ergebnisse in der Regel mit Wahrscheinlichkeitswerten angegeben.

Genveränderungen, die im Laufe eines Patientenlebens auftreten (z. B. Tumor-Mutationen), sind somatischer Natur, die vererbten Veränderungen hingegen sind anlagebedingt zu betrachten. Da in beiden Fällen sowohl die Untersuchungsprobe als auch die Untersuchungen an sich unterschiedlich sind, ist eine Differenzierung im Testnamen nicht erforderlich.

Allele kennzeichnen alternative Formen eines Gens und werden auf der Phänotyp-Ebene klassifiziert. Ein Locus bezeichnet einen speziellen DNS- oder RNS-Codon oder die korrespondierende Aminosäure im Protein, die aus diesem Codon hervorgeht.

Der Begriff „Mutation“ wird gemeinhin für eine genetische Abweichung verwendet, die eine Veränderung der Funktion eines Gens verursacht und zu einer Erkrankung führt. Ein Allel ist eine genetische Abweichung, die keinerlei Erkrankung zur Folge hat.

Ein DNS-Strang für ein Protein wird durch Introns (nichtkodierende Triplettsequenzen innerhalb eines Gens) unterbrochen. Diese tragen nicht zur Protein-Kodierung bei. Die protein-definierende DNS wird typischerweise mehrfach durch Introns unterbrochen. Die kodierende DNS zwischen den Introns sind die Exons (kodierende Triplettsequenz innerhalb eines Gens). Durch Aneinanderkopplung von Exons erhält man die zur Festlegung eines spezifischen Proteins erforderlichen Instruktionen. Exons werden nummeriert (z. B. Exon 1, Exon 2, etc.), und diese Nummerierung wird dann in den Bezeichnungen der DNS-Mutationen oftmals aufgenommen. Allerdings ist die Identifizierung eines Codon durch ein Exon aus verschiedenen Gründen meist recht unzuverlässig, daher versuchen wir diese Art der Namensgebung in LOINC weitestgehend zu vermeiden.

Ein Codon entspricht einer Sequenz von 3 Nukleotiden der mRNS und jeder Codon codiert jeweils eine Aminosäure. Codons werden nummeriert, und zwar ab dem 1. beteiligten Codon in einem Protein (beim Menschen der Codon für Methionin). Es wird mit Codon 1 begonnen.

In der nachfolgenden Tabellesind die drei verschiedenen Kodierungsarten für Gendefekte zu entnehmen:

Tabelle 18: Drei Möglichkeiten, den Locus eines Gendefektes zu identifizieren

Kennzeichen	**Erklärung**
p	Defekt-Identifizierung pro Codon durch Zählung der Aminosäuren im Protein, die durch das Gen produziert wurden, beginnend mit der ersten Aminosäure.
c	Identifizierung des Defektes durch Zählung der Nukleotide der mRNS, die das Protein produziert, wobei die Introns ausgeklammert werden. Die Werte werden drei Mal so hoch sein, wie bei der ersten Methode.
g	Identifizierung des Defektes durch Zählung ab dem ersten DNS-Nukleotid, so wie als Gen in den Chromosomen ursprünglich vorhanden, einschließlich der Introns.

3.9.3 Allgemeine Regeln zur Namensgebung in der Molekulargenetik

Soweit möglich, besteht der bezeichnende LOINC-Anteil für eine molekular-pathologische Mutation aus dem Gen-Namen **und** einer Information über den individuellen Defekt (z. B. Löschung von Alanin aus Position 47). Auf die Bezeichnung einer Krankheit wird von LOINC nur dann zurückgegriffen, wenn ein Gen keinen Namen hat und/oder wenn der Gendefekt noch nicht vollständig spezifiziert wurde. Sofern die Art der Gen-Erkrankung nicht Bestandteil der Komponente ist, wird ihr Name stets im vorgesehenen Namensfeld der Datenbank eingefügt. Wir stellen damit sicher, dass der Anwender auch anhand der Krankheitsbezeichnung den LOINC-Ausdruck schnell finden kann.

Bei der Komponentenbezeichnung greifen wir für menschliche Gen-Mutationen auf die Nomenklatur von Beaudet[20] zurück (d. h. wenn die Mutation zu dem Testnamen gehört). Alternativ geben wir die Komponentenbezeichnung als Antwort an, sofern sie zu einer Antwort gehört. Bei diesem Benennungsverfahren ist es ratsam, dass Missense-Mutationen durch den Anfangsbuchstaben der Aminosäure-Abkürzung (p-notiert und nicht die Nukleotide) gekennzeichnet werden. Die nachfolgende Tabelle führt die einbuchstabigen Kodes für Aminosäuren auf:

Tabelle 19: Anfangsbuchstaben der Aminosäuren-Kodes

Aminosäure	**Code**	**Aminosäure**	**Code**
Alanin	A	Leucin	L
Arginino	R	Lysin	K
Asparagin	N	Methionin	M
Asparaginsäure	D	Phenylalanin	F
Cystein	C	Prolin	P
Glutaminsäure	E	Serin	S
Glutamin	Q	Threonin	T
Glycin	G	Tryptophan	W
Histidin	H	Tyrosin	Y
Isoleucin	I	Valin	V

Das System (die Probe) für genetische Tests ist bei LOINC-Namen in der Regel BLD/TISS. Eine Unterscheidung zwischen diesen zwei Probenarten ist für das Ergebnis molekular-pathologischer Tests selten von Bedeutung. Allerdings möchten wir in späteren Datenbankversionen weitere Spezifizierungen für Fötus-Proben vornehmen.

Wir haben davon abgesehen, Variablen für jede molekulargenetische Methode zu entwickeln, z. B. gibt es keine für Southern-Blot Messungen, PCR und RFLPs. Hier kommen nur dann verschiedene Methoden zum Einsatz, wenn die Antworten gleich ausfallen und der herausgefundene Unterschied von geringer Bedeutung ist. Bei den Methoden gibt es eine Unmenge verschiedener Varianten, und wir sind kaum in der Lage tatsächlich alle Unterarten dieser Variantenabweichungen aufzunehmen. Daher setzen wir als allgemeine Bezeichnung MOLGEN (Molecular Genetic Method) ein und zeigen damit an, dass das Ergebnis einer Analyse anhand einer molekulargenetischen Untersuchungsmethode zustande kam und nicht auf ein chemisches Verfahren oder eine Antigen-Methode zurückzuführen ist.

3.9.4 Infektionskrankheiten

Mit der vorliegenden LOINC-Nomenklatur können die meisten Infektionskrankheiten (z. B. Bestimmung einer individuellen Erreger-Art durch DNS-Bestimmung) gut bezeichnet werden. Das Wort DNS gilt als Bestandteil der Komponentenbezeichnung und die eingesetzte Methodenart zur Bestimmung der Mikroorganismen wird differenziert (Probe, Probe.amp.tar, Probe.amp.sig). Weitere Informationen entnehmen Sie bitte dem Kapitel Mikrobiologie.

3.9.5 Genetische Erkrankungen

3.9.5.1 DNS-Diagnoseassays/Krankheits-Genmutationen

DNS-Diagnoseassays zur Bestimmung spezifischer Krankheits-Genmutationen:

In den meisten Fällen benötigt man den Gennamen, die Spezifizierung der Nomenklatur (z. B: p, g oder c) und den Mutations-Namen. Ein LOINC-Ausdruck, der eine besondere Mutation spezifiziert, führt zunächst den Gen-Namen, dann die Mutationsbezeichnung in der Beaudet's Schreibweise auf. Ein Punkt (**.**) trennt den Gennamen von der Mutationsbezeichnung. Die Gliederung der Komponente (1. Teil des LOINC-Namens) sieht demnach wie folgt aus:

<gene name> gene.<mutation nomenclature><mutation and its location>

Beispielsweise die Mutation für das Faktor-V-Leiden hieße **F5 gene.p.R506Q**.

„F5" identifiziert das Gen, „gene" ist ein fester Namensbestandteil, „p" identifiziert die Art der Mutation (Protein) und „R506Q" gibt an, dass die Aminosäure Arginin (R) durch Glutamin (Q) (siehe Tabelle 19) auf dem Codon #506 ersetzt wurde.

Einige Beispiele für vollständig spezifizierende LOINC-Namen bei Tests bestimmter Mutationen:

F5 gene.p.R506Q:Arb:PT:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Faktor V Leiden, Faktor V Abwehr, APC Abwehr-Gen

HFE gene.p.C282Y:Arb:PT:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = HLA-H Gen, Hämochromatose-Gen

CFTR gene.p. F508 del:Arb:PT:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Mukoviszidose-Transmembranregulator

Die Skala für LOINC-Kodes dieser Art ist Ord. Testverfahren, die einzelne Mutationen herausfinden sollen, setzen zwei DNS-Proben ein: die erste für den normalen Locus und die zweite für den abweichenden Locus. Sollte nur die „normale" Probe eine Reaktion aufweisen, dann dokumentiert das Labor „no mutation", also „keine Mutation". Reagieren allerdings beide, die normale und die Mutations-Probe steht in dem Bericht „*heterozygous*", also „heterozygot". Sollte nur die Mutations-Probe reagieren, dann wird im Bericht „*homozygous*" also „homozygot" festgehalten. Diese Einzelmutationsanalysen ergeben also stets einer der drei folgenden ordinalen „Antworten":

1) keine Mutation
2) heterozygote Mutation (Mutation auf einem Gen gefunden)
3) homozygote Mutation (Mutation auf beiden Genen des Genpaares gefunden)

Spezifische Tests dieser Art sind nur möglich, wenn die molekulare Pathologie des Gens sehr gut bekannt und nur von einem Defekt auszugehen ist.

3.9.5.2 diagnostische DNA-Assays zur Detektion multipler Genmutations-Krankheiten

DNA-Diagnose-Assays bei multiplen Genmutations-Krankheiten (Allele):

Multiple Tests können auf vier unterschiedliche Arten dargestellt werden: eine Einzelbeobachtung pro Paar, zwei getrennte Beobachtungen, Genmutations-Analyse und Fließtext.

a) Einzelbeobachtung pro Genpaar

Die Art der Dokumentation ist identisch zu 3.9.5.1, da jede ausgetestete Mutation einen eigenen LOINC-Kode erhält. Zum Beispiel:

`HFE gene.p.C282Y:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen`

`HFE gene.p.H63D:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen`

b) Zwei getrennte Untersuchungen

Eine Untersuchung stellt die Mutations-Art (Allele) im ersten Chromosom, und die andere die Mutationsart für das Chromosomenpaar fest. In diesem Fall wird die Allelidentität als eine Antwort festgehalten. Zum Beispiel:

`APOE gene allele 1:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen`
Antworten = E1, E2, E3, or E4

`APOE gene allele 2:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen`
Antworten = E1, E2, E3, or E4

c) Genmutations-Analyse

Hierbei handelt es sich um eine tatsächliche Erweiterung des o. g. Falles. Der allgemeine Name lautet <genetic disease> mutation analysis: **`Prid:PT:Bld/Tiss:Nom:Molgen`**. Die Antworten bestehen aus den Bezeichnungen der festgestellten Gene.

Beispiele:

`CFTR gene mutation analysis:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen`
Synonyme = Mukoviszidose-Transmembranregulator

`BRCA1 gene mutation analysis:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen`
Synonyme = Brustkrebsrisikogen

Die Antworten könnten lauten: *„Identifizierbare Mutation“*, *„Nicht identifizierbare Mutation“*

Zur Bestimmung welche Allele oder Mutationen ausgetestet wurden, ist i. d. R. ein zusätzlicher Test erforderlich, damit der Empfänger der Dokumentation schließlich in die Lage versetzt wird, ein negatives Testergebnis richtig zu interpretieren. Mit dem Namen der Erkrankung werden jeweils die Untersuchungen in dieser Dokumentationsform differenziert, da auf diese Weise mehrere Mutationen aufgezählt werden können. Der Bericht gibt somit mehrere Mutationsmöglichkeiten vor.

Die allgemeine Form lautet

<allele class or disease name> gene mutations tested for:Prid:PT;:Bld/Tiss:Nom:Molgen.

z. B: **CFTR gene mutations tested for:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen**

Die Antworten könnten folgendes enthalten: „Delta F508“, „G542X“, „R553X“, „W1282X“, „N1303K“, etc.

d) Bericht als Fließtext

In diesem Fall wird die Information mit einem Fließtext wie eine Kontrollnotiz o. ä. ohne maschinenverarbeitbare Strukturierung dargestellt. Diese Dokumentationsweise ist für automatische Abfragen überhaupt nicht geeignet, daher raten wir eindringlich von ihr ab.

3.9.6 Trinukleotid-Wiederholungen

Bestimmte Erkrankungen, hauptsächlich neurologischer Art, treten aufgrund von exzessiven Trinukleotid-Wiederholungen auf. Das Ausbruchsalter, in dem die Erkrankung auftritt, ist umgekehrt proportional zu den exzessiven Wiederholungen. Beispiele für diese Funktionsstörungen sind:

1) Fragiles X-Syndrom
2) Huntingtonsche-Erkrankung (Chorea Huntington)
3) Spinocerebellare Ataxie (SCA1)

Die Komponenten in diesen Ausdrücken bestehen aus dem Namen des definierten Gens oder der Krankheit, plus dem Namen des sich wiederholenden Trinukleotids und das Wort „repeats“ für Wiederholungen.

<disease name> <trinucleotide> repeats

Die Huntingtonsche-Erkrankung sähe wie folgt aus: **HD gene.CAG** repeats

Beispiele für VSB sind:

FRAXE gene.CGG repeats:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = Fragiles X- Syndrome

HD gene.CAG repeats:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = Huntington Erkrankung, It15, Hd, Huntington Chorea

Spinocerebellar ataxia genes.CAG repeats:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

DMPK gene.CTG repeats:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = Myotonische Dystrophie

Klassifiziert werden sie üblicherweise mit „nicht erweitert“, „unbestimmt“ oder „erweitert“. Die Skala ist demnach Ord. Nach der Feststellung der tatsächlichen Trinukleotid-Wiederholungen wird die Eigenschaft mit einer Kenn-Nummer (entetic number – EntNum) versehen und die Skala wäre quantitativ (Qn). Uns sind keinerlei Laboratorien bekannt, welche die tatsächliche Anzahl einsetzen. Sollte ein Bedarf an quantitativen Varianten auftreten, werden wir sie bereitstellen.

3.9.7 Haematopathologische Gen-Umordnungen

Aufgrund der Umordnungen (Rearrangements) verfügen Immunzellen über eine innate genetische Variabilität. Es ist möglich, dieses Rearrangement dazu zu nutzen, die Entwicklung von Klon-Zelltypen zu verfolgen, wie zum Beispiel bei Lymphzelltumoren (z. B. Lymphome). Folgende Schreibweise wird zur Beschreibung von klonalen Exzessen eingesetzt:

Immunoglobulin heavy chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Immunoglobulin kappa light chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Immunoglobulin lambda light chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

TCRB gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = T-Zellen-Rezeptor Beta-Kette

TCRD gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = T-Zellen-Rezeptor Delta-Kette

TCRG gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = T-Zellen-Rezeptor Gamma-Kette

Dokumentiert werden sie mit *„klonal“* oder *„nicht klonal“*.

3.9.8 Translokationen

Tests, um genspezifische Translokations-Bruchstellen (mit anderen bekannten Partnergenen) zu ermitteln, sollten sie wie folgt dargestellt werden:

T(<breakpoint gene 1>,<breakpoint gene 2>)(<gene1>,<gene2>)gene translocation

Zum Beispiel:

T(9,22)(ABL1,BCR) gene translocation:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Philadelphia-Chromosom, BCR1, chronische myeloische Leukämie, CML

T(14,18)(IGH,BCL2) gene translocation:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Follikuläres B-Zellen-Lymphom, onkogene B-Zellen Leukämie 2, CLL, chronische lymphatische Leukämie, follicular Lymphoma

T(15,17)(PML,RARA) gene translocation:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = RAR, promyelozytäre Leukämie, myelogen, Retinsäurerezeptor, akute, promyelozytäre Leukämie, APL

Dieses kann ebenso als Zell-Bruch dargestellt werden: Rearragement-Zellen im Verhältnis zu der Zell-Gesamtzahl:

Cells.t(9,22)(ABL1,BCR)/Cells.total:NFr:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen

Wenn die spezifischen Genpartner unbekannt sind:

CCND1 gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Lymphom 1

BCL2 gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyme = Lymphom 2

Die Spezifizität von „größeren“ oder „geringfügigen“ Bruchstellen sollte ebenso bestimmt werden:

T(9,22)(ABL1,BCR) gene translocation major break points:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

T(9,22)(ABL1,BCR) gene translocation minor break points:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

3.9.9 Identitäts-Testung

“Identitäts-Tests” konzentrieren sich in der Regel auf 4 genetische Loci (jeder Locus ist ausreichend polymorph, sodass jede Übereinstimmung eine 10%-ige Wahrscheinlichkeit hat, falsch zu sein). Die Loci sind nicht zusammenhängend, d. h. sollten alle 4 Proben übereinstimmen (inkl. aller Einschließlichkeiten und Ausschließlichkeiten), beträgt die Wahrscheinlichkeit einer Nicht-Übereinstimmung 0,0001 (1:10.000). Ob mehr als vier gewählt werden hängt davon ab, wie hoch die Zuverlässigkeit der Test-Umstände sein muss. Bei forensischen Untersuchungen geht man von einem Satz mit 20 Proben aus.

Wir *empfehlen* für Identitätsnachweise zwei Darstellungsarten: anatomisch oder mit vorab aufeinander abgestimmten Definitionen.

3.9.9.1 Atomisierte Darstellungsart

Diese Darstellungsart benötigt mehrere LOINC-Namen für die Darstellung des Index-Typs, der Vergleichsfall-Typen, der Ergebnisse aus einer Identitätsanalyse, ebenso wie für alle weiteren separaten Komponenten der Analyse. Weiterhin enthalten sind eine Untersuchung zur Darstellung der aktuell eingesetzten Proben und weitere Untersuchungen zur Bestimmung der Populationsdichte, für die die Proben gelten sollen . Die Methode lautet **`Molgen.identity.testing`**. Beispiel:

Eingesetzte DNA-Probe:
`Prid:Pt:Index case^comparison case:Nom:Molgen.identity.testing`

Basis-Population:
`Prid:Pt:Probes:Nom:Molgen.identity.testing`

Verhältnis:
`Type:Pt:index case:Nom:Molgen.identity.testing`

Antworten = Kind, Opfer, Verdächtiger

Verhältnis:
`Type:Pt:^comparison case:Nom:Molgen.identity.testing`

Antworten = Mutter, angebliche Mutter, Vater, angeblicher Vater, Beweisstück (nicht vom Opfer)

Zuverlässigkeit der Verhältnisangabe:
`likelihood:Pt:Index case^comparison case:Qn:Molgen.identity.testing`
(ermittelt die statistische Zuverlässigkeit der Schlussfolgerungen)

Schlussfolgerung:
`IMP:Pt:index case^comparison case:Nar: Molgen.identity.testing`
(zusammengefasste Aussage über den identifizierten Verwandtschaftsgrad)

3.9.9.2 Vorab aufeinander abgestimmte Definitions-Alternativen

Mancher o. g. atomisierter Begriff (z. B. eingesetzte DNS-Proben) kann ebenso mit vorab definierten Ergebnissen dargestellt werden:

Beziehungsverhältnis:Wahrscheinlichkeit:
`child^alleged mother:Qn:Molgen.identity.testing`
Synonyme = Mutterschafts-Test (stellt fest, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass die angebliche Mutter die Mutter des Index-Kindes ist.)

Beziehungsverhältnis:Wahrscheinlichkeit:
`child^alleged father:Qn:Molgen.identity.testing`
Synonyme = Vaterschaftstest (ermittelt, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass der angebliche Vater der Vater des Index-Kindes ist)

Beziehungsverhältnis:Wahrscheinlichkeit:
`victim^suspect:Qn:Molgen.identity.testing`
(ermittelt, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass das genetische Material, das beim Opfer gefunden wurde, vom Verdächtigen stammt)

Beziehungsverhältnis:Wahrscheinlichkeit:
`suspect^victim:Qn:Molgen.identity.testing`
(ermittelt, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass das genetische Material, das beim Verdächtigen gefunden wurde, von dem Opfer stammt)

Identität:Wahrscheinlichkeit:
`Evidence^suspect:Qn:Molgen.identity.testing`
(ermittelt, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass das genetische Material auf dem Beweisstück, vom Verdächtigen stammt)

Identität:Wahrscheinlichkeit:
`evidence^victim:Qn:Molgen.identity.testing`
(ermittelt, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass das genetische Material auf dem Beweisstück vom Opfer stammt)

3.9.10 Tumor-Relationen/Tumor-Genetik

Betrachtet die Anzahl von Kopien der N-Myc-Gene (Wachstums-Kontrollgen)

N-Myc Gen-Amplifikation: **`EntNum:Pt:Bld/Tiss:Qn:Ord:Molgen`**

N-Myc Gen-Amplifikation: **`ArbEnt:Pt:Bld/Tiss:Qn:Ord:Molgen`**
Antworten = nicht-amplifiziert, unbestimmt, amplifiziert

Anmerkung: Diese Zahlen geben Überexpressionen in biologischen Vorgängen wieder, sie entsprechen nicht den tatsächlichen Messungen

Genverlust: p-Genverlust: **`Arb:Pt:tumor:Ord:Molgen`**
Antwort: Genverlust/kein Genverlust

Vergleichen eines Tumorsignals mit normalem Gewebe – im Verhältnis zur Gesamt-DNS.

3.10 Allergie-Testung

Heutzutage ermöglicht die Industrie die Austestung von über 450 verschiedenen Allergenen. In den meisten Tests werden IgE-Antikörper gegen diese Allergene untersucht. Bei manchen Allergenen sind sowohl ein IgG- als auch ein IgA-Test möglich.

Bei LOINC Namen zu Allergietests besteht der Komponenteil aus dem Allergen und dem Antikörper-Typ (meistens IgE). Die meisten Allergene stammen von Tieren, Pflanzen oder Derivate dieser Entitäten. In der Vergangenheit (vor LOINC-Version 2.04) setzten wir jeweils den umgangssprachlichen und nicht den wissenschaftlichen Namen zur Allergenidentifizierung ein. Dies führte zu einigen Doppelbelegungen in den Begriffs-Definitionen, da ein Allergen von Firma zu Firma unterschiedlich benannt werden kann. Es kam weiterhin auch zu Missverständnissen, da manchmal mehrere Tier- oder Pflanzen-Spezies den gleichen, umgangssprachlichen Namen haben können. Mit Version 2.04 haben wir dieses Problem behoben. Um Mehrdeutigkeiten zu vermeiden, führten wir die lateinischen und biologischen Spezies-Bezeichnungen für die Allergieverursacher ein.

Einige Hintergrundinformationen:
Sämtliche Allergene können einerseits mit einem zwei- bis fünfstelligen Zeichencode wiedergegeben werden, so wie es Pharmacia[21] vorgibt, und auf den sich die meisten Allergie-Testfirmen und der jeweilige Test-Katalog beziehen. Wir setzten diese Kodes ein, um Duplikate oder mehrdeutige Allergietest-Bezeichnungen des LOINC herauszufiltern. Diese Pharmacia-Kodes stehen in einem hierfür vorgesehenem Datenfeld der Datenbank. Zum anderen werden Allergietests oftmals auf zwei Arten dokumentiert: eine quantitative, grobe Messung und eine ordinale (0-6) Abstufungs-Klassifizierung (RAST class). LOINC legt unterschiedliche Namen für jede dieser Dokumentationsarten fest. Zum Beispiel beide LOINC-Namen zum Bezeichnen von IgE-Antikörpern der Japanischen Hirse:

Echinochloa crus-galli Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn

Echinochloa crus-galli Ab.IgE.RAST class:ACnc:Pt:Ser:Ord

Die RAST-Klasse ist eine Kategorisierung grober Messdaten auf der Basis spezifischer Allergiekriterien. Die spezifischen IgE-Klassen Ergebniswerte (0, 1, 2, 3, 4, 5 oder 6) sind eher als Antwort in Kategorien ausgedrückt zu verstehen, und nicht als eine kontinuierliche Nummernskala. „RAST-class“-Begriffe folgen daher einer ordinalen (ORD)-Skala.

Labors setzen auch gemischte Allergene für ein Einzeltestergebnis ein. Dies sieht in LOINC folgendermaßen aus:

(Acer negundo+Quercus alba+Ulmus americana+Populus deltoides+Carya pecan) Ab.IgE:ACnc:PT:Ser:Ord:Multidisk
Bezugsname = tx2

Es ist wahrscheinlich, dass jede Pflanze mehrere Allergene hat. Beispielsweise werden Antikörper gegen drei Pollenarten und Früchte eines einzelnen Baumes gebildet. Ähnlich verhält es sich beim Getreide: es gibt Antikörper gegen das Getreidekorn selbst und welche gegen Getreidepollen. Für diese Differenzierungen stellt LOINC im Komponentennamen das Wort POLLEN zur Verfügung, mit dem auch Pollen-Allergene und Lebensmittel-Allergene unterschieden werden. Beispielsweise der LOINC-Name für Mais-IgE Antikörper wäre:

`Zea mays Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn:`
Bezugsnamen = angebauter Mais; f8

`Zea mays pollen Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn`
Bezugsnamen: angebauter Mais, g202

4. Klinische Beobachtungen und Messungen

4.1 Einleitung

Für die meisten Messungen gibt es bei Gesamtauswertungen separate Datenfelder, wie z. B. bei Verlegungen und ein 24-Stunden-Sammelurin. Weiterhin gibt es eine Reihe Vorabdefinitionen für Untersuchungen, für Körperstellen an denen sie gemessen werden und auch für die dabei eingesetzten Untersuchungsmethoden. Beispielsweise kann die Herzleistung entweder unter Einsatz der FICK-Methode oder aber mit einem 2D-Herz-Sonogramm untersucht werden.

Physiologische Messungen werden über einen längeren Zeitraum kontinuierlich gemacht. Das hier relevante Instrument ermittelt „statistische“ Werte für den Überwachungszeitraum. Bei Vitalfunktionen erfolgen Angaben zu Minimum, Maximum oder zum Durchschnittswert im Laufe eines bestimmten Zeitraumes. Die Gesamtmenge der Stoffwechselwerte wird in der Regel ebenso als eine statistische Angabe betrachtet. Für Messungen, die sich in einem bestimmten Zeitraum wiederholen, sind die Zeitangaben (1 Stunde, 8 Stunden, 10 Stunden, 12 Stunden oder 24 Stunden) wichtig, damit u. a. auch die verschieden langen Arbeitsschichten in den einzelnen Einrichtungen berücksichtigt werden. LOINC-Namen orientieren sich der Art nach beispielsweise an einer 24 Stunden Urinuntersuchung. Zeitangaben sind in der Unterteilung „Duration“ (Zeitdauer) im 3. Segment des Namens anzugeben.

Die Zusammensetzung der Bezeichnungen einzelner klinischer Messungen entspricht im Großen und Ganzen den Benennungen im Laborbereich. Mögliche kleinere Abweichungen werden unten beschrieben.

Die LOINC-Namensteile 2, 3, 5 und 6 (Art der Eigenschaft, Zeitpunkt, Skala und Methode) sind sowohl für den Klinik- wie auch für den Laborbereich identisch.

Bei Teil 4 (**System** Körper) ist die inhaltliche Bedeutung sowohl für den Klinik- wie für den Laborbereich identisch, allerdings spricht das System im Laborbereich meistens eine Flüssigkeit bzw. einen Körperteil als Entnahmestelle an (Serum, Gehirn- und Rückenmarksflüssigkeit) und das System im Klinikbereich bezieht sich eher auf einen ganzen Körperbereich (z. B. Brust), ein Organ (z. B. Herz) oder den Teil eines Organs (z. B. Herzventrikel). Es kann vorkommen, dass mit „System“ auch ein Instrument oder eine Vorrichtung, die mit dem System verbunden ist, gemeint ist (z. B. OB Ultraschall-Anzeige).

Komponente: Laborwerte betrachten die Komponente (Teil 1) stets als eine bestimmte chemische Menge, die in Zusammenhang mit dem System steht (Glukose oder HIV-Antikörper). Bei klinischen Begriffen stellen die Komponenten meistens einen drei- oder vierdimensionalen Begriff dar. Hier werden spezielle Umstände untersucht, (z. B. QRS-Intervall, systolisch) und Messungen vorgenommen, die sich im Laufe einer Zeitspanne verändern können (ventricle.left.outflow tract – *Ventrikel.links-Ausflussbahn*). Zusätzlich verwendet man Komponenten zur Darstellung der ganzen Bandbreite von Veränderungen im Laufe einer physiologischen Messung, bzw. für die genaue und dreidimensionale Wiedergabe innerhalb des Messbereichs.

Die Komponente enthält spezielle Längenmaße (Umfang, Durchmesser oder Radius – sofern die Eigenschaft aus einer Länge besteht), und auch die spezifische Höhe oder die Achsenangabe, an der die Untersuchung des Körperteils vorgenommen wurde (wie beispielsweise der

Brustumfang gemessen auf der Höhe der Brustwarze). Eine Komponenten-Bezeichnung muss Mehrdeutigkeiten aller Art ausschließen. Sie erfolgt unter Angabe der Projektion, der Achse oder des spezifischen Zeitrahmens, in dem Untersuchungen vorgenommen werden. Wenn jemand den Durchmesser einer Niere dokumentieren möchte, muss mit dem System spezifiziert werden, ob es sich um die Niere rechts (kidney.right) oder Niere links (kidney.left) handelt, und die Komponente legt fest, auf welchem Niveau der Durchmesser untersucht wurde (z. B. im Querschnitt Höhe des Beckens). Bei der Messung des Brustumfanges ist das „System“ die Brust, der „Komponente“ der Umfang auf der Höhe der Brustwarzen und die „Eigenschaft“ die Länge. Die Fläche, die Längen und die Volumina von Organen müssen hinreichend in den „Komponenten“ spezifiziert werden, damit alle vorgenommenen Untersuchungen differenzierbar bleiben. Ändert sich eine dieser Maßeinheiten im Laufe der Zeit (z. B. Inspiration, Expiration, Systole, Diastole) müssen diese Abweichungen aus dem „Komponententeil“ des LOINC-Namens hervorgehen. (Mit „Dauer“ ist die Zeitspanne für die Gesamtuntersuchung gemeint).

Die Komponenten bei klinischen Messungen sind meistens Attribute eines Patienten oder eines Organsystems des entsprechenden Patienten. Oftmals sind aber auch Attribute von Bedeutung, die nicht vom System *Patient* stammen. Bei bestimmten Untersuchungen ist beispielsweise das eingesetzte Instrument wichtig: bei einem Endoskop hätte die Modellkennung des Instruments oder die Inventarnummer in diesem Zusammenhang Identifikationscharakter. Bei der Kontrolle nosokomialer Infektionsherde im Krankenhausbereich werden diese Kennzahlen häufig für die Auditierung und spätere Berichterstattung benötigt.

Bei der Dokumentation der Attribute eines Instruments oder Messgerätes entspricht der Instrumentenname dem System. Das gleiche gilt für die Charakterisierung von Röhrchen zum Zu- oder Ableiten von Flüssigkeiten aus Körperöffnungen. Beispielsweise sollte man auf diese Weise die Größe eines naso-gastralen Tubus definieren.

Tabelle 20: Aktuelle Begrifflichkeiten des LOINC im Bereich Klinik

Blutdruck (systolisch, diastolisch und Durchschnittswert)
Körpermessungen
Körpertemperatur
Körpergewicht und Messungen zur Bestimmung des Ideal-Körpergewichtes
Koronarsonographie
Herzleistung, Widerstand, Herzfrequenz, Ejektionsfraktion, etc.
Umfang Brust, Schenkel, Beine
Intensivmedizinische Messungen
Zähne/Gebiss
Elektrokardiographische Messungen
Notfallambulanzfallberichte (CDC DEEDS)
Gastrointestinale Endoskopie
Herzfrequenz (und Charakter des Pulsschlages)
input/output[7] - Einnahmen und Ausscheidungen bzw. Stoffwechsel

Haupttitel bei operativen Eingriffen
Haupttitel für Entlassungsberichte
Haupttitel bei Anamnesen
Ultraschallbildgebung in der Geburtshilfe
Ophthamologische Messungen
Pathologieprotokolle
Leitlinien zur Lungenbeatmung
Radiologieberichte
Atmungsfrequenz
Standard Untersuchungsinstrumente
Urologische Ultraschall-Bildgebung

Um klinische Untersuchungen in ihren besonderen Ausmaßen unterbringen zu können, haben wir neue Optionen für den Bereich „Eigenschaften“ erarbeitet. Sie entsprechen den Parametern, die zusätzlich gemessen werden (z. B. Widerstand, elektrische Spannung, Leistung pro „Schlag“) und darüber hinaus haben wir drei neue, ergänzende und wichtige Eigenschaften hinzugefügt:

1) **Anat:** spezieller PRID-Fall, identifiziert anatomische Begebenheiten
2) **Imp:** Beurteilung/Gesamteindruck – eine diagnostische Aussage. Sie ist stets als Interpretation oder Abstraktion von bestimmten Untersuchungen zu verstehen (eine Testergebnis-Serie, eine Abbildung, oder ein Patient als Ganzes). Eine Beurteilung wird stets durch einen Experten ausformuliert (automatische EKG-Diagnose-Abbildungen werden ebenso als „Beurteilungen“ verstanden). „Beurteilungen“ kommen sowohl im Klinik- wie auch im Labor-Bereich zum Einsatz, d. h. dass man sie in beiden Bereichen antrifft.
3) **Find:** Bei Find handelt es sich um eine klinische Beobachtung nicht weiter unterteilbarer Größenordnung, und nicht wie bei IMP um eine zusammengefasste Aussage. Physische, anamnestische und überprüfende Ansätze sowohl des Systems als auch anderer Untersuchungen dieser Art gehören zu der Eigenschaft Find (findings). Kodierte Findings sollten eine Nom-Skala haben, bzw. bei Betrachtungen in freien Texten Nar (narrativ) oder ordinal sein.

Für klinische Messungen sind Super-Systeme (die zweite Unterteilung der System-Komponente) erforderlich. Beispielsweise gibt es Kopf-Messungen für Patienten und für Föten. Sie werden wie folgt unterschieden:

[7] Anmerkung der Übersetzung: Der Ausdruck „input/output“ in der englischen Originalfassung bezieht sich auf die Einnahme von Kalorien oder Wirkstoffen und deren Metabolisierung im Blut sowie der Ausscheidung dieser Stoffe oder deren Metaboliten über Urin/Stuhl. Es handelt sich daher um Stoffewechselbilanzen oder Stoffwechselgeschehen im Allgemeinen.

Circumference.occipital-frontal:Len:Pt:Head:Qn

Diameter.biparietal:Len:Pt:Head^fetus:Qn

4.2 Atomar versus molekular (vorab definierte Bezeichnungen)

Bei klinischen Begrifflichkeiten sind fast immer zwei verschiedene Arten der Dokumentation möglich. Einerseits kann eine Untersuchung so dokumentiert werden, dass eine Vielzahl atomarer Variablen festgehalten werden und diese zusammengefasst die Untersuchung vollständig beschreiben. Für solche Umfangmessungen stehen uns beispielsweise nachstehende atomare Untersuchungen zur Verfügung. Die aufgenommenen Variablen ermöglichen die Darstellung aller erdenklichen Umfangsarten und Messungen, für die wir noch keine „vorab definierten“ Namen festgelegt haben.

Tabelle 21: Beispiele für präkoordinierte Begriffe

Code	Beschreibung
Circumference:Len:PT:XXX:Qn	Aktuelles Maß eines bestimmten Umfangs
Circumference site:Anat:PT:*:Nom	Identifiziert den Körperteil, an dem die Messung vorgenommen wurde (spezifiziert das System)
Circumference method:Type:PT:XXX:Nom:*	Identifiziert die Messtechnik für die Umfangmessung (Antworten = Maßband-Messung, Ableitung, Abbildung)

Andererseits stehen uns vorab definierte Ausdrücke zur Verfügung. Hier ergibt sich aus der Kombination der atomaren Variablen jeweils ein LOINC-Name. Beispielsweise:

8279-2 Circumference.at nipple line:Len:Pt:Chest:Qn

und

8293-3 Circumference^inspiration:Len:Pt:Chest:Qn

Da man eine höhere Spezifizität erreicht und die Schlüsselkomponente der Messung als Variable dargestellt wird, ist dies die konventionellere Art vielerorts im Klinikgeschehen. Vorab zusammengestellte Namen nennen wir „molekulare“ Variablen.

Je nach Anzahl der atomaren Komponenten, fallen die “molekularen” Variablen der LOINC-Datenbank unterschiedlich aus. Die Methoden werden in vielen Laborbereichen weder im Namen noch überhaupt festgehalten. Die gängigste molekulare Zusammensetzung erfolgt mit dem Zusammenfassen einer funktionalen Messung und Angabe eines Ortes bzw. der „Messstelle“ (beispielsweise die verschiedenen intravaskulären Stellen für die Blutdruckmessung). Manchmal fügen molekulare Variablen auch spezifische Messungen und besondere Methoden zusammen (z. B. die Herzleistungs-Messungen). Es ist weiterhin möglich, den meisten molekularen Variablen eine oder mehrere atomare Messungen hinzuzufügen, um besondere Informationen über die jeweilige Untersuchung festzuhalten. Hierunter fallen beispielsweise besondere Umstände der Messung oder die handelsübliche Waren- und Inventar-Nummer eines Messgerätes.

Sollte mit einer Variablen tatsächlich das ausgedrückt werden können, was ursprünglich mit einem vollständig vorab definierten Begriff gemeint ist, wird für den Wert ein (*****)-Sternchenzeichen eingesetzt. Zum Beispiel setzt man zur Darstellung einer atomaren „Stelle“ eine atomare Variable ein und fügt das (*****)-Zeichen in den System-Teil der Bezeichnung ein. Die Variable zur Bezeichnung der Methode einer speziellen Messung trägt ein (*****)-Zeichen im Methoden-Teil der Bezeichnung.

4.3 Radiologische Verfahren

Die Schaffung von LOINC-Kodes für die Dokumentation von radiologischen Verfahren begann mit einer speziellen Untergruppe der Komiteemitglieder sowie einer Sammlung von Untersuchungsbezeichnungen aus verschiedenen klinischen Zentren. LOINC-Kodes für radiologische Verfahren wurden erstmalig im Jahr 2000, ein weiterer Block mit über 2.000 neuen Radiologie-Kodes wurde im Dezember 2004 herausgegeben und wächst ständig

Die LOINC-Bezeichnungssystematik für Berichte derartiger Verfahren folgt dem allgemeinen Muster für andere klinische Beobachtungen und Messungen, jedoch gibt es geringfügige Unterschiede, welche unten aufgeführt sind. Die Bereiche 2, 3 und 5 (Art der Eigenschaft, Zeitpunkt und Skala) entsprechen 1:1 der Bedeutung in den klinischen und so genannten Labor-LOINC-Kodes.

4.3.1 Diagnostische radiologische Verfahren

4.3.1.1 Komponente

Wie auch bei anderen klinischen LOINC-Kodes bezeichnet die Komponente eine spezifische Projektion im dreidimensionalen Raum. Die Komponente sollte jegliche Mehrdeutigkeit hinsichtlich der gemessenen Projektion unmöglich machen.

a) Komponente/Analytname

Der erste Teil des Komponenten-Feldes stellt die Projektionen und die räumlichen Bedingungen dar, welche während der Bildgebung vorliegen. Der erste Teil wird gemäß folgender Syntax bezeichnet:

<descriptor> [<number of views>] [<projection beam orientation>] [<body position>]

Der **<descriptor>** bezeichnet den Typ Bild im Bericht. Für diagnostische Röntgen- oder Mammographieuntersuchungen ist der **<descriptor>** entweder View oder Views. Für Sonographiediagnostik, MRI, CT und Tomographieuntersuchungen ist der **<descriptor>** Multisection. Die „descriptor“-Bezeichnung wird lediglich im Komponentenfeld benötigt.

Wo sinnvoll oder notwendig werden zum ersten Teil des Bestandteiles zusätzliche Ausdrücke hinzugefügt, um das Augenmerk der Untersuchung näher zu erläutern (z. B. Multisection limited oder Multisection for pyloric stenosis). Die Anzahl der Aufnahmen **<number of views>** ist ein optionaler Parameter, der einzelne Sichten einer Projektion beschreibt. Viele Berichte bildgebender Verfahren spezifizieren nicht die tatsächlichen Projektionen sondern lediglich die

Anzahl der Aufnahmen. Einige Berichte beschreiben die Anzahl der Ansichten in Relationen, wie etwa „wenigstens drei Ansichten“ oder „weniger als vier Ansichten“. Wo es notwendig ist diese Qualifikation zu beschreiben, sollten folgende Ausdrücke genutzt werden:

1) Gt = mehr als
2) Ge = mehr als oder gleich
3) Lt = weniger als
4) Le = weniger als oder gleich

Die Projektion/Strahlausrichtung **<projection beam orientation>** ist ein optionaler Parameter, der die Orientierung(en) des Strahls bezogen auf den Patienten näher spezifiziert. Wo immer sinnvoll, werden die allgemein genutzten Abkürzungen verwendet, vorausgesetzt, dass diese eindeutig sind (z. B. *PA*[8]*, AP*[9] etc). Mehrfache Aufnahmen mit verschiedenen Orientierungen werden durch das Zeichen „&“ zusammengefasst.

Die Position des Körpers **<body position>** ist ein optionaler Parameter, um jegliche Mehrdeutigkeit hinsichtlich der Position des Patientenkörpers in Bezug auf die Schwerkraft zu eliminieren. Beispiele dieser Positionen sind *prone* (proniert, auf dem Bauch liegend), *upright* (aufrecht), *supine* (supiniert, auf dem Rücken liegend), zum Beispiel:

```
VView PA prone:Find:Pt:Abdomen:Nar:XR
```

Um spezielle Gruppen von Aufnahmen und Aufgaben abzubilden, machen wir eine Ausnahme der Prinzipien, keine runden Klammern zu nutzen, um Komponente für Radiologische Studien darzustellen. Zum Beispiel:

```
Views (AP^standing) & (lateral^W hyperextension):Find:Pt:Knee:Nar:XR
```

b) Berichtsbezeichnungen für radiologische Verfahren mit tragbaren Geräten

Grundsätzlich werden keine speziellen Bezeichnungen bei der Berichterstattung mit Aufnahmen/Bildern mit portablen Geräten vorgegeben, es sei denn, die von einem tragbaren Gerät erstellte Aufnahme unterscheidet sich grundsätzlich von der aus Standgeräten. Beispielsweise sind Bilder aus tragbaren Röntgengeräten für die Toraxbildgebung typischerweise aus geringerer Entfernung gemacht als jene Röntgenbilder der stationären Geräte von klinischen Einrichtungen – weshalb wir für diesen Fall auch einen separaten LOINC-Kode schaffen:

```
Views AP portable:Find:Pt:Chest:Nar:XR
```

c) Eponyme und Trivialbezeichnungen

Bildgebende Verfahren werden häufig mit Eponymen[10] oder Trivialnamen bezeichnet. Werden diese häufig benutzt und sind sie weitläufig bekannt, so können diese Bezeichnungen für die Berichterstattung geeignet sein. In vielen Fällen erstrecken sich diese Bezeichnungen über mehrere Parameter oder mehrere LOINC-Achsen (z. B. COMPONENT (Bestandteil), ME-

[8] Anmerkung der Übersetzung: PA bzw. p. a. steht vermutlich für *posteroanterior*.
[9] Anmerkung der Übersetzung: AP steht für *anterior pituitary* – aber auch für *alkaline phosphatase* oder *2-aminopurine.*
[10] Eponym: Bezeichnung, die auf einen Personennamen zurückgeht.

THOD (Methode) und SYSTEM (System)). LOINC-Bezeichnungen benutzen diese Begriffe typischerweise nur, wenn deren Bedeutung eindeutig ist und der Begriff sich nur auf eine Achse beschränkt. Zum Beispiel:

```
VIEW MERCHANTS:FIND:Pt:KNEE:NAR:XR
```

d) Challenge-Untersuchungen (Belastungs-, Expositions- bzw. Empfindlichkeitstests)

Der zweite Teil des „Bestandteils“ bezieht sich auf chemische, physikalische und/oder funktionelle Challenges. Die Bezeichnungskonvention für chemische Challenges (z. B. die Gabe eines Kontrastmittels) richtet sich nach dem zuvor beschriebenen Prinzip einschließlich der Abkürzungen für den Applikationsweg. Zum Beispiel:

```
Multisection^W & WO contrast IV:Find:Pt:Kidney.bilateral+Collecting sys-
  tem:Nar:XR.tomo
```

Bei der Beschreibung von Kontrastmittelgaben in bestimmte Köperbereiche, für die es keine anerkannten Abkürzungen gibt, wird die Bezeichnung des betreffenden Bereiches ausgeschrieben; die Worte INTRA oder VIA werden der Bezeichnung gemäß folgender Richtlinien vorangestellt:

Man benutzt intra, wenn das zu injizierende Kontrastmittel direkt in den anatomischen Bereich gebracht wird und dabei dieser Bereich gleichzeitig jener ist, der durch das bildgebende Verfahren untersucht wird. Zum Beispiel:

```
Views^W contrast intra lymphatic:Find:Pt:Lymphatics:Nar:XR.fluor
```

Man benutzt via, wenn das zu injizierende Kontrastmittel über ein bestimmtes Instrument in den abzubildenden Bereich geleitet wird (z. B. durch einen Katheter). Zum Beispiel:

```
Views^W contrast via T-tube:Find:Pt:Biliary ducts+Gallbladder:Nar:XR.fluor
```

```
Views^W contrast via colostomy:Find:Pt:Colon:Nar:XR.fluor
```

Physikalische Challenges, welche während der Bildgebung im Einsatz sind, werden nach einem ähnlichen Schema bezeichnet:

```
[<existence>] <challenge>
```

wobei *existence* MIT, OHNE, oder MIT & OHNE bedeutet. Das Vorhandensein von MIT und OHNE steht für verschiedene Aufnahmen, mit oder ohne Challenge. Zum Beispiel:

```
Views^W & WO weight:Find:Pt:Acromioclavicular joint:Nar:XR
```

4.3.1.1.1 Definitionen

Auszüge aus dem “Merrill`s Atlas of Radiographie Positions and Radiologic Procedures”.[25]

a) Dekubitus

Gibt an, dass der Patient liegt und der zentrale Röntgenstrahl horizontal und parallel zum Boden verläuft. Drei Dekubitus-Positionen bezogen auf die Körperfläche, auf denen der Patient liegt, werden genannt:

(i) Lateraler Dekubitus

Der Patient liegt auf der entsprechenden Seite (rechts oder links).

Sofern die Rückenseite des Patienten in der Nähe des IR (Bildgebenden Systems, z.B. Filmkassette) liegt, ist die resultierende Projektion AP. Liegt der ventrale Bereich (Bauch) des Patienten in der Nähe des IR, so handelt es sich um eine PA-Projektion. Die AP-Projektion ist am häufigsten. Es ist auch möglich, eine laterale Projektion in einer rechten oder linken lateralen Dekubitusposition zu erstellen. (Abb. 16-17, Merrill, Vol. 3)

(ii) Dorsaler Dekubitus

In der dorsalen Dekubitusposition liegt der Patient auf dem Rücken (supiniert). Der zentrale Röntgenstrahl liefert eine laterale Projektion, die rechts oder links ausgewiesen werden kann, je nachdem welche Seite näher zum IR liegt. Dies wird auch cross-table lateral view (Abdomen) genannt. Diese Position wird üblicherweise in der lateralen Röntgenaufnahme der Wirbelsäule gewählt, wenn der Patient nicht in eine laterale Position bewegt werden kann oder es sich um Kleinkinder handelt.

(iii) Ventraler Dekubitus

In der seltenen ventralen Dekubitusposition ist der Patient proniert. Der zentrale Röntgenstrahl liefert eine laterale Projektion, die rechts oder links ausgewiesen werden kann,je nachdem welche Seite näher am IR liegt.

(iv) KUB

Die bildgebende Technik “Niere, Ureteren, Harnblase” (KUB) wird in der abdominalen AP projektion durchgeführt. Oft ist der patient su piniert. Die KUB-Darstellung beinhaltet anatomische Strukturen von dem Diaphragma bis zur Symphyse.

4.3.1.1.1.2 Radiologische Namenskonventionen

Im Bereich der Radiologie bietet LOINC verschiedene Granularitätslevel, um verschiedene Namenskonventionen zu unterstützen (z.B. Lateralität oder Kontrastmittelnutzung).

Zum Beispiel:

- Abd R Lat Decub XR
- Abd R Decub Port XR
- Abdomen Decubitus
- Chest Decub XR
- Chest L Decub XR
- Xray Chest Decubitus

Dekubitus ist eine Körperposition und keine Projektion. Dekubitus wird nur für die laterale Position gebraucht.

a) Um die Körperposition genau darzustellen, wird “L-lateral-decubitus” oder “R-lateral-decubitus” genutzt.

“Dorsal Decubitus” wird nicht genutzt, um die Supination darzustellen.

a) Üblicherweise wird der “lateral crosstable” für die Darstellung der lateralen Projektion (rechts oder links) in der Rückenlage genutzt, sowohl als Projektion als auch als Körperposition. “Ventral Decubitus” wird nicht genutzt, um eine pronierte Stellung darzustellen. Der Begriff prone wird nur als Körperposition verwendet.

Historisch bedingt wurden einige Begriffe erstellt, die imliziet auf die Projektion hingewiesen haben. Diese Begriffe wurden überarbeitet.

a) Sollte keine Angaben zur Projektion vorliegen, so kann jede potentielle Projektion erstellt und dokumentiert werden (AP, PA, Lateral)

b) Die Bezeichnungen AP L-lateral-decubitus und AP R-lateral-decubitus sind Sichten (plural) “views”, zu unterscheiden von “view”.

c) Die Komponentenbezeichnung “lateral” alleine deutet auf eine laterale Projektion hin (in irgendeiner Körperposition).

d) KUB wurde als Sicht aus historischen Gründen verwendet. Diese wurde überarbeitet, um nun nur noch die Projektion (AP) und eine spezielle Patientenposition (z.B. auf dem Rücken liegend oder stehend) darzustellen, so werden die Doppeldeutigkeiten vermieden.

e) In anderen eher schwierigen Bereichen der Benamung von radiologischen Begriffen werden Klammern genutzt.

4.3.1.2 Zeiteinteilung

Die meisten Radiologie-Berichte werden den Zeitaspekt „Zeitpunkt“ (PT) nutzen. Einige Berichte kennzeichnen ein bestimmtes Zeitfenster (z. B. bei der zeitlich festgelegten Röntgendurchleuchtung), und sind in allgemein üblicher Art benannt, z. B. **<numeric value><S|M|H|W>**. Wo Kennzeichen für einen relativen Zeitrahmen benötigt werden, nutzen wir diese Konventionen:

1) Gt = mehr als
2) Ge = mehr als oder gleich
3) Lt = weniger als
4) Le = weniger oder gleich

Zum Beispiel, Le 1H

4.3.1.3 System

Für sämtliche klinischen LOINC-Namen wird die Systembezeichnung ausgeschrieben, um die Eindeutigkeit zu gewährleisten. Bei den meisten Berichten zur Bildgebung wird mit „System“ um- und beschrieben, was betrachtet wird und nicht nur der betreffende anatomische Bereich.

Zum Beispiel gibt es eine gängige Untersuchung für die Diagnosestellung der Hill-Sachs-Läsion: die West-Point-Röntgenaufnahme. Da diese Aufnahme die gesamte Schulter zeigt und nicht nur den glenoidalen Rand (glenoid rim), wird das System Shoulder wie folgt charakterisiert:

`View West Point:Find:Pt:Shoulder:Nar:XR`

Man benennt Systeme, die mehrere Organsysteme zusammenfassen, indem diese Systeme durch ein „plus“ (+) verbunden werden. Die einzelnen Parameter werden kraniokaudal und/oder proximodistal angeordnet:

`Views:Find:Pt:Spine.cervical+Spine.thoracic+Spine.lumbar:Nar:XR`

`Views:Find:Pt:Spine.lumbar+Sacrum+Coccyx:Nar:XR`

Während das „System“ zwar beschreibt und charakterisiert, was betrachtet wird, ist dies keine erschöpfende Auflistung aller Strukturen in der betreffenden Aufnahme. Beispielsweise zeigt eine standardmäßige seitliche Röntgenaufnahme von Speiche und Ulna diese Knochen in ihrer Gänze und zusätzlich die proximale Reihe der Karpalknochen sowie das Ellbogengelenk. Nichtsdestotrotz lautet das System für die Berichterstattung *Radius+Ulna* (Speiche + Ulna).

4.3.1.3.1 Gefäße

Besteht bei der Berichterstattung zu Gefäßuntersuchungen das System aus mehreren Gefäßen, wird jedes Gefäß einzeln genannt und über ein Pluszeichen (+) mit weiteren Gefäßen verbunden, (z. B. . *Celiac artery+Superior mesenteric artery+Inferior mesenteric artery*). Gehören das/die betrachtete(n) Gefäß(e) zu einem gemeinsamen Stamm, wird zunächst ein gemeinsamer Bezeichner aufgeführt, anschließend wird ein Punkt als Trennung gesetzt (.), danach folgt die Unterbezeichnung (z. B. *Vena Ccava inferior*). Gehören die Gefäße zu voneinander unabhängigen Zweigen, werden sie unabhängig voneinander aufgeführt und durch ein Pluszeichen miteinander verbunden (+), (z. B. *Superior mesenteric artery+Inferior mesenteric artery*).

Bei Untersuchungen, die sämtliche Gefäßformen in einem Körperbereich betrachten, wird das SYSTEM üblicherweise in der Pluralform benannt (z. B. *Lower extremity vessels, Lower extremity veins*). Diese Vorgehensweise liegt darin begründet, dass die meisten angiographischen Untersuchungen mehrere Gefäßverzweigungen betrachten und nicht nur ein einzelnes Gefäß.

4.3.1.3.2 Gehirn, Kopf, Zerebrales System und Schädel

Die Terminologie bei bildgebenden Verfahren, hinsichtlich der Anatomie des Kopfes, unterliegt derzeit noch einer großen Variabilität. Wir haben die Bezeichnungssystematik so weit als möglich nach den gängigsten Konventionen gestaltet. Grundsätzlich verwenden wir das System Head (Kopf) für Dokumentationen im Bereich MRA, CTA, CT und bei Sonographieuntersuchungen. Das System Brain (Gehirn) verwenden wir bei Dokumentationen im Bereich MRI und nuklearmedizinischen Untersuchungen und analog das System Skull (Schädel) bei Untersuchungen mit nur einer Ebene. Für die Dokumentation konventioneller Fluoroskopie/Angiographie verwenden wir das System Cerebral (zerebral), vorausgesetzt es ist keine spezifische Arterie gemeint.

4.3.1.3.3 Extremitäten

Die Bezeichnungen von Untersuchungen der Extremitäten sind in ihrer Terminologie häufig unterschiedlich. Die Bezeichnung „arm“ (Arm) bezieht sich rein technisch auf den Oberarm zwischen Schulter und Ellbogen einerseits, andererseits bezieht sich der Begriff üblicherweise auf die gesamte obere Extremität; die Bezeichnung „leg“ (Bein) bezieht sich rein technisch auf den Unterschenkel zwischen Knie und Knöchel aber gleichzeitig auch auf die gesamte untere Extremität (siehe *Dorland's Illustrated Medical Dictionary*). In Anbetracht dessen haben wir „arm“ und „leg“ als Synonyme mit unspezifischer Bedeutung aufgenommen, verwenden die Begriffe jedoch nicht als Systembezeichner. Wir verwenden Upper extremity (obere Extremität) und Lower extremity (untere Extremität) als Bezeichnungen für die Extremitäten als Ganzes oder wenn der visualisierte Bereich der Extremität nicht näher spezifiziert wurde. Für die spezifische Bezeichnung von Regionen benennen wir das System gemäß der visualisierten Anatomie und der spezifischen Methode. Beispielsweise benennen wir eine Röntgenaufnahme des Oberarmes wie folgt:

```
Views:Find:Pt:Humerus:Nar:XR
```

4.3.1.3.4 Lateralität (Seitigkeit)

Für die meisten bilateral symmetrischen Entitäten vergeben wir in der Bildgebung separate LOINC-Kodes gemäß Lateralität. Aus diesem Grund gibt es für verschiedene Untersuchungen LOINC-Kodes welche sich lediglich in der Lateralität des Systems unterscheiden [z. B. Shoulder (Schulter), Shoulder.left (Schulter, links), Shoulder.right (Schulter, rechts), Shoulder.unilateral (Schulter, einseitig) and Shoulder.bilateral (Schulter, beidseitig)].

4.3.1.3.5 Serienprojektion mit multiplen Systemen

Für radiologische Berichte von Serienprojektionen, welche multiple Systeme abbilden (z.B. Rippen und Brust), ist die Reihenfolge in COMPONENT nach der anatomischen Lage aufgelistet. Zusätzlich wird die zweite anatomische Lage zu der COMPONENT addiert, um klarzustellen, welche Ansichten für welche anatomischen Regionen sind.

Zum Beispiel:

```
Views lateral & PA chest:Find:Pt:Ribs+Chest:Nar:XR
```

4.3.1.3.6 Benutzung des Punkt „dot“ (.) im System

Ein Punkt „dot“ (.) zeigt an, dass der Modifikator eine Untergruppe oder einen Teilbereich von dem Hauptwort darstellt. Der Punkt wird nicht genutzt, wenn der Modifikator nur die Adjektivform für die klarere Darstellung ausdrückt. Dies ergibt z.B. Chest.pleura, aber Superficial tissue.

4.3.1.4 Methode

Grundsätzlich entspricht die Methodenbezeichnung in der Bildgebung der Bezeichnungssystematik anderer LOINC-Begriffe. Das Schema in der Bildgebung ist wie folgt:

```
<modality>.[submodality]
```

4.3.1.4.1 Methodenbezeichnungen der Angiographie

LOINC-Bezeichnungen verwenden die Methoden **XR.FLUOR.angio**, **MRI.angio** und **CT.angio**, um Untersuchungsberichte zur Angiographie zu bezeichnen. Die Systematik der Bildgebung verwendet häufig die Abkürzungen MRA, MRV, CTA und CTV in der Untersuchungsbezeichnung angiographischen Methoden. Da MRA und CTA als Bezeichnung sowohl für Untersuchungen der Arterien, Venen oder beidem steht, sind dies Synonyme, die den LOINC-Methoden MRI. angio und **CT.angio** äquivalent und in der Datenbank als Synonyme aufgeführt sind. MRV und CTV werden nur da als begriffliche Synonyme aufgeführt, wo es sich um die Methoden **MRI.angio** oder **CT.angio** handelt und das System die Wörter „Vein“ (Vene) oder „Veins“ (Venen) enthält.

4.3.2 Interventionelle (invasive) bildgebende Verfahren

4.3.2.1 Komponente

Untersuchungsberichte der Bildgebung bei interventionellen Untersuchungen unter aktiver Visualisierung enthalten typischerweise die Komponentenart wie folgt: **Guidance for <indication>**, wobei **<indication>** eine Beschreibung der Art der aktiven Visualisierung darstellt. Zum Beispiel:

Guidance for biopsy:Find:Pt:Breast:Nar:Mam

Guidance for drainage:Find:Pt:Kidney:Nar:US

4.3.2.2 System

Das System für interventionelle, bildgebende Verfahren wird gemäß der betrachteten anatomischen Struktur benannt, ähnlich dem Schema für diagnostische bildgebende Verfahren.

4.3.2.3 Methode

Grundsätzlich entspricht die Methodenbezeichnung für interventionelle, bildgebende Verfahren den Methodenbezeichungen diagnostischer bildgebender Verfahren und anderer LOINC-Bezeichnungen. Das Bezeichnungsschema für die Methode ist wie folgt:

<modality>.[submodality]

5. Tumor-Register

In Zusammenarbeit mit der *North American Association of Central Cancer Registries* (NAACCR – zentrales Tumorregister in den USA) haben wir eine Anzahl von LOINC-Kodes erarbeitet. Diese Kodes für Tumor-Variablen können in der Kommunikation zwischen klinischen Einrichtungen und dem Tumor-Register sowie in umgekehrter Richtung vom Tumor-Register an klinische Einheiten verwendet werden. Sie entsprechen den Vorgaben des NAACCR und enthalten Variablen unter anderem für das Krankenhaus, in dem der Tumor das erste Mal diagnostiziert wurde, die primäre Lokalisierung des Tumors, seine Größe, dem Grad der Streuung zum Diagnosezeitpunkt und weitere Variablen, die für eine allgemeine Tumor-Registrierung von Bedeutung sein könnten. Der NAACCR-Datensatz und andere krebsbezogenen Demografien werden durch die Klasse TUMRRGT identifiziert.

Die NAACCR-Datenstandards und ein Implementierungsleitfäden hinsichtlich der Übertragung dieser Tumorregister-Variablen als LOINC-Kodes in HL7-Mitteilungen sind beim NAACCR verfügbar http://naaccr.org.

6. Abrechnungsbelege als Anhänge

Weiterführende Informationen finden Sie bei RELMA, dem HIPAA Attachment – Bereich in dem Handbuch zu Relma und bei Büchern zu den entsprechenden *Claims Attachments der HL7-„Special-Interest-Group“ Attachment*.

7. HL7/LOINC-Dokumententypen und zugehörige Vokabularien

DieserAbschnitt beschreibt unseren Ansatzfür die Erstellung von verschiedene Dokumentenarten. Es handelt sich hierbei um die Fortführung der Arbeiten des LOINC Komittees und der HL7 Dokumentenonotologie-Task Force von Stan Huff und Pavla Frazier, Bob Dolin und Clem McDonald unter Einbeziehung weiterer Experten.

7.1 Einsatz von Kodes für Dokumententypen in HL7-Nachrichten

Das Erstellen und Pflegen der Dokumententyp-Kodes setzt voraus, dass zwischen der inhaltlichen Bedeutung lokaler Dokumentennamen und dem was die Dokumententyp-Kodes ausdrücken, unterschieden wird. Dokumententyp-Kodes stellen eine gleich bleibende Semantik in der Namensgebung der Dokumente sicher, insbesondere wenn es darum geht, dass die Kodes gemeinsam mit anderen Einrichtungen genutzt oder zwischen einzelnen Häusern oder Firmen ausgetauscht werden. Bezeichnungen und Kodes, die ausschließlich innerhalb eines Hauses benutzt werden, unterliegen nur der Kontrolle dieser einen Einrichtung, wobei sie den lokalen Arbeitsanforderungen angepasst sind und nur dem Informationsfluss vor Ort dienen. Es ist davon auszugehen, dass der lokale Dokumentenname von dem System, welches das Dokument erstellt, beibehalten wird, und dass dieser lokale Name zusammen mit dem Dokumententyp-Code beim Versand an andere Organisationen erhalten bleibt. Allerdings sollte man sich bei der Erstellung des Dokumententyp-Kodes auf die inhaltliche Bedeutung des Dokumenten-Namens beschränken, damit dieser von unterschiedlichen Einrichtungen verstanden wird. Es ist angemessen lokale Namen wie beispielsweise „Dr. Schmidts Dienstags klinische Schmerz-Dokumentation“ oder „Albuquerque VA Allgemeinmedizinische Sprechstunden-Dokumentation“ ausschließlich für den Gebrauch innerhalb einer einzelnen Einrichtung zu konzipieren. Diese stark lokalen Bezeichnungen ergeben jedoch außerhalb der eigenen Einrichtung keinerlei Sinn und daher ist für die Dokumententyp-Bezeichnungen ein Begriff wie „Ambulanter Patient Schmerzklinik-Dokumentation“ oder „Allgemeine Sprechstundendokumentation Innere Medizin“ zu wählen.

Tabelle 22: Beispiele für klinische Dokumententypen

Mögliche lokale Benennung	**Kodes für Dokumententypen**
Dr. Schmidts Dienstags klinische Schmerz-Dokumentation	Ambulanter Patient Schmerzklinik-Dokumentation
Albuquerque VA Allgemeinmedizinische Sprechstunden-Dokumentation	Allgemeine Sprechstundendokumentation Innere Medizin

7.2 Bezug/Zusammenhang mit anderen Terminologien

Bezug zu LOINC
HL7 benutzt LOINC-Kodes als Kodes für klinische Dokumente und verzichtet darauf, ein weiteres Ordnungssystem mit Dokumenten-Kodes für seine Dokumente zu entwickeln. Es steht HL7 frei, sich auf eine reduzierte Zahl von LOINC-Kodes zu beschränken, sie sind jedoch befugt, alle LOINC basierten Dokumenten-Kodes im Kontext von HL7 zu verwenden.

Die Regeln für die Namensgebung im vorliegenden Dokument beschränken sich auf „klinische Dokumentation“, ein Begriff, dem hier eine besondere Bedeutung zukommt. Eine klinische Dokumentation ist in diesem Zusammenhang als klinisches Dokument zu verstehen (wie im HL7 CDA-Standard definiert). Klinische Dokumente werden von klinischem Fachpersonal oder Nachwuchskräften in diesem Bereich entweder spontan („ich halte meine Zustimmung fest“) oder aber als Antwort auf Untersuchungsanfragen aufgesetzt. Eigentlich handelt es sich hierbei eher um „klinischer Berichte“, denn sie dienen auch zur Erfassung konkreter Patientendaten wie Radiologieberichte, Pathologieberichte, Laborberichte, Herz-Katheterberichte etc. und folgen einem sehr spezifischen Antwort-Prozedere auf eine Untersuchungsanfrage. Diese Angaben zu Patientendaten sind detailliert durch die Namensstruktur des LOINC vorgegeben und durch bereits vorhandene Ausdrücke in der LOINC-Datenbank vollständig abgedeckt.

Verbindungen zu HL7-V2.x-Werten
Der HL7-Dokumententyp-Code überschneidet sich mit ähnlichen Konzepten aus HL7 V2.x (anwenderdefinierte Tabelle 0270 Dokumenten-Arten, anwenderdefinierte Tabelle 0496 Einwilligungstypen). Diese Überschneidungen werden wie folgt behandelt:

1) Erzeugen eines Mappings von LOINC-Kodes zu HL7-V2.x Dokumenten-Kodes zur Verfügung.
2) Weiterentwicklung der LOINC-Kodes, die den Anforderungen von HL7-V3 entsprechen und , die in den V2.x-Tabellen nicht enthalten sind.

Bezug zu Referenz-Terminologien
So bald als möglich werden Komponenten-Begriffe, die zur Erstellung der Dokumententyp-Kodes erforderlich sind, entweder in den UMLS-Metathesaurus oder in SNOMED-CT übertragen. Dieses Mapping trägt dazu bei, dass die Bedeutung der Begriffe etabliert und das Hinzufügen und die Klassifizierung weiterer Dokumententyp-Kodes ermöglicht wird, welche dann per Definition oder durch computergesteuerte Beziehungen zustande kommen. Unter anderem ist dann eine hierarchische Subsummierung in der Referenz-Terminologie gegeben.

7.3 Die Elemente der Dokumenten-Kodes

Nachfolgend werden Synonyme und äquivalente Begriffe mit Klammern ( ) versehen. Dokumenten-Kodes werden durch die Bestandteile ihrer Komponenten definiert. Die Liste der Achsenwerte wurde 2003 veröffentlicht. Sie dient als Grundlage für die LOINC Kodes und wird kontinuierlich verbessert.

Art des Dokumentes
Beschreibung: Charakterisierung der allgemeinen Dokumentenstruktur auf Makro-Ebene. Zur Differenzierung bestimmter Dokumentenarten sind unterschiedliche Dokumentenüberschriften (Header) nötig.

Mögliche „Werte“ für eine Dokumenten-Art:

1. Beschreibung: Klinische Dokumentation - (auch als „klinische Dokumente“ bekannt): Dokumente, die im Rahmen der Patientenversorgung vom Klinikpersonal verfasst werden. Enthalten sind weiterhin Vermerke, die auf Anfrage von „einzelnen Kliniken und beratendem Klinikpersonal“ aufgesetzt werden. Nicht darunter zu verstehen sind klinische Berichte z. B. aus dem Bereich der Radiologie, Pathologie und Herz-Katheter-Dokumentationen, die i. d. R. speziell angefordert/beauftragt werden. Klinische Dokumente müssen nach CDA 1.0 fünf Kriterien erfüllen: Vollständigkeit, Verwaltbarkeit, Authentifizierungsmöglichkeiten, Persistenz und Verständlichkeit/menschliche Lesbarkeit.
2. Zukünftige Arbeiten an weiteren Werten für die Dokumentenarten
Weitere Dokumentenarten werden derzeit bearbeitet. Die nachfolgende Liste zeigt einige Arbeitsentwürfe:

1. Administrative Dokumentation
- Gegen ärztlichen Rat
- Einverständniserklärung
- Zertifikat
- Einwilligung
- Vertrag

2. Weiterführende Anweisungen
- Keine Reanimation (Widerruf)
- Patientenverfügung

3. Diagram

4. Verfahrensablauf

5. Dokumente mit rechtswirksamem Charakter

6. Brief

7. Klinisches Dokument
- Unerwünschte Nebenwirkung
- Warnung

8. Befund

Art der Leistung
Hierdurch wird laut Vermerk die Art der Leistung oder Aktivität für oder am Patienten (oder einem anderen Leistungsempfänger) charakterisiert. Gängige Unterkategorien für Leistungen wären Untersuchungen, Evaluierungen und Managementaufgaben. Auch der zeitliche Ablauf (Beginn der Leistung [Aufnahme] und das Ende der Leistung [Entlassung]) wird auf diese Weise festgehalten.

1) Kommunikation
2) Besprechung
   - Fall-Besprechung
3) Konsultationen
   - Bestätigende Konsultation
4) Individuelle Beratung
5) Gruppentherapie
6) Tagesbericht oder Übergabe zum Schichtende
7) Diagnostische Studien
8) Schulung
   a) Entlassunganweisungen
   b) Entlassungsschulung
   c) Preoperatives Training
9) Evaluierung und Management
   a) Jährliche Evaluation
   b) Assessment
   c) Krisenintervention (Psychosoziale Krisenintervention)
   d) Staging
   e) Arbeitsunfähigkeit und Invalidität
   - Erwerbsunfähigkeitsuntersuchung
   - Berufsunfähigkeitsuntersuchung
     - Berufsunfähigkeit & Rente Akromegalie
     - Berufsunfähigkeit & Rente häusliche Pflege
     - Berufsunfähigkeit & Rente Arrhythmie
     - Berufsunfähigkeit & Rente Akromegalie
     - Berufsunfähigkeit & Rente Gefäße
     - Berufsunfähigkeit & Rente Audio
     - Berufsunfähigkeit & Rente Bewegungsapparat
     - Berufsunfähigkeit & Rente Zentrales Nervensystem und Rückenmark
     - Berufsunfähigkeit & Rente Chronic Fatigue Syndrom
     - Berufsunfähigkeit & Rente Unfallbericht
     - Berufsunfähigkeit & Rente Hirnnerven
     - Berufsunfähigkeit & Rente Morbus Cushing
     - Berufsunfähigkeit & Rente Zahn & Mund
     - Berufsunfähigkeit & Rente Diabetes Mellitus
     - Berufsunfähigkeit & Rente Verdauung

- Berufsunfähigkeit & Rente Erkrankungen des Ohres
- Berufsunfähigkeit & Rente Eßstörungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Stoffwechselerkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Epilepsie und Narkolepsie
- Berufsunfähigkeit & Rente Hernien des Ösophagus und Hiatushernien
- Berufsunfähigkeit & Rente Auge
- Berufsunfähigkeit & Rente Füße
- Berufsunfähigkeit & Rente Fibromyalgie
- Berufsunfähigkeit & Rente Medizinisch
- Berufsunfähigkeit & Rente Urogenitaltrakt
- Berufsunfähigkeit & Rente Golf Krieg Bericht
- Berufsunfähigkeit & Rente Gynäkologische Leiden und Erkrankungen der Brust
- Berufsunfähigkeit & Rente Hand, Daumen und Finger
- Berufsunfähigkeit & Rente Herz
- Berufsunfähigkeit & Rente hämatologische Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente HIV- assoziierte Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Hypertension
- Berufsunfähigkeit & Rente Infektionskrankheiten, Immun- und Ernährungsprobleme
- Berufsunfähigkeit & Rente Darmerkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Gelenke (Schulter, Ellbogen, Handgelenk, Hüfte, Knie, Fußgelenk)
- Berufsunfähigkeit & Rente Leber, Gallenblase und Pankreas
- Berufsunfähigkeit & Rente lymphatische Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente geistige Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Mund, Lippen und Zunge
- Berufsunfähigkeit & Rente Multiple Befunde
- Berufsunfähigkeit & Rente Muskeln
- Berufsunfähigkeit & Rente Neurologische Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Nase, Sinus, Larynx und Pharynx
- Berufsunfähigkeit & Rente peripheres Nervensystem
- Berufsunfähigkeit & Rente Posttraumatisches Stresssyndrom (PTSD) Erstuntersuchung
- Berufsunfähigkeit & Rente Posttraumatisches Stresssyndrom (PTSD) Folgeuntersuchung
- Berufsunfähigkeit & Rente Kriegsgefangene
- Berufsunfähigkeit & Rente Lungentuberkulose und mykobakterielle Erkrankungen
- Berufsunfähigkeit & Rente Rektum und Anus
- Berufsunfähigkeit & Rente Amputationsstumpf
- Berufsunfähigkeit & Rente Erkrankungen des respiratorischen Systems
- Berufsunfähigkeit & Rente respiratorisch-obstruktiv restriktiv und intestinal
- Berufsunfähigkeit & Rente Respiratorische Erkrankungen

- Berufsunfähigkeit & Rente Narben
- Berufsunfähigkeit & Rente Riech- und Tastsinn
- Berufsunfähigkeit & Rente Hautkrankheiten
- Berufsunfähigkeit & Rente Wirbelsäule
- Berufsunfähigkeit & Rente Magen, Duodenum und peritoneale Adhäsionen
- Berufsunfähigkeit & Rente Erkrankungen der Thyroidea und Parathyroidea

f) Evaluation und Management eines spezifischen Problems
Evaluation und Management bei der Antikoagulation
Evaluation und Management der Hyperlipidämie
Evaluation und Management bei Bluthochdruck
Evaluation und Management bei der Raucherentwöhnung
Evaluation und Management bei Übergewicht und Adipositas

g) Anamnese und körperliche Untersuchung
jährliche Anamneseerhebung und körperliche Untersuchung
Anamnese und körperliche Untersuchung bei Krankenhauseinweisung
Umfassende Anamnese und körperliche Untersuchung
Spezielle Anamnese und körperliche Untersuchung

h) Eingangs-Evaluation
Aufnahme-Evaluation
Aufnahmeanamnese und körperliche Untersuchung
Jährliche Evaluation

i) Plan
Behandlungsplan

j) Risikoassessment und Screening
Fall-Risikoassessment

k) Verlaufsevaluation

10. Medikationsmanagement
- Medikationsabgleich

11. Beratungsleistungen

12. Prozeduren in der Pathologie
- Autopsie
-

13. Prozeduren

14. Ärztliche Überweisung

15. Zahlungsfrist

16. Anordnung

17. Triage

Setting
Beschreibung: Unter Setting versteht man eine geringfügige Erweiterung der groben CMS-Setting Definitionen (auch bekannt als HCFA[11]) die eine wohldefinierte Bedeutung tragen. Setting entspricht nicht der Ortsangabe (*location*), die wesentlich stärker lokalorientiert definiert und in anderen Datenteilen einer Mitteilung anzutreffen ist. Mit Setting ist eine der nachfolgenden Kategorien gemeint, wobei künftige Erweiterungen möglich sind.

1) Krankenhausaufenthalt (stationärer Patient)
2) Intensivmedizin
3) Ambulante Versorgung
   - Office
   - Ambulantes Operieren
   - ambulanter Krankenhauspatient
   - Notfallambulanz
4) Häusliche Versorgung
5) Notfallabteilung
6) Geburtshaus / abteilung
7) Langzeitbehandlung
   - Pflegeeinrichtung
   - Erfahrener Krankenpflege-Service
   - Krankenpflege-Service
8) Rehabilitations-Krankenhaus (Rehaklinik)

[11] Anmerkung der Übersetzung: CMS = Centres for Medicare & Medicaid Services – das US-amerikanische (öffentliche) Krankenversicherungssystem, HCFA = Health Care Financing Administration.

9) Ambulanz
10)eHealth (Telehealth)
11)Telefonkonsultation

In der Regel wird das Setting zumindest als Grundinformation in klinischen Berichten aufgenommen, nicht zuletzt um die verschiedenen Berichtsarten unterscheiden zu können. Die Aufnahmeanamnese wird in der Regel als Krankenhaus-Aufnahmeanamnese festgehalten, könnte aber mit der Anamnese für die häusliche Pflege verwechselt werden, wenn das Setting nicht erwähnt wird. Setting ist kein erforderlicher Bestandteil des Namens.

Abteilungen
Beschreibung: Charakterisiert den Fachbereich dem eine Dokumentation entstammt.

1) Akupunktur
2) Medizin in der Luft- und Raumfahrt
3) Allergie und Immunologie
   - Klinische und Laborimmunologie
4) Anästhesie
   - Schmerzmedizin
5) Audiologie
6) Chiropraxis
7) Intensivpflegeeinheit
8) Zahnheilkunde
9) Dermatologie
   - Dermatopathologie
   - Klinische und labordermatologische Immunologie
   - Pediatrische Dermatologie
10) Notfallmedizin
   - Medizinische Toxikologie
   - Pediatrische Notfallmedizin
   - Sportmedizin
   - Unterwasser & Hyperbare MedizinEthik
11) Ethik
12) Familienmedizin
   - Erwachsenenmedizin
   - Geriatrie
   - Sportmedizin
13) Allgemeinmedizin
14) Innere Medizin
   - Jugendmedizin
   - Kardiovaskuläre Erkrankungen
   - Elektrophysiologie des Herzenz
     - Interventionelle Kardiologie
   - Endokriniologie
     - Diabetologie
     - Thyroidologie
   - Gastroenterologie
   - Hepatologie
   - Geriatrie
   - Hämatologie und Onkologie
   - Infektionskrankheiten
   - Nephrologie
   - Pulmonologie

- Rheumatologie
- Sportmedizin

15)Genetik
- Klinische Biochemische Genetik
- Klinische Zytogenetik
- Klinische Genetik
- Klinische Molekulargenetik
- Molekulargenetische Pathologie

16)Psychische Störungen
- Psychiatrie
- SuchterkrankungenKinder & Jugendpsychiatrie
  - Forensische Psychiatrie
  - Geriatrische Psychiatrie
  - Psychosomatische Psychiatrie
- Psychologie

17)Multiples Programm
18)Neurologische Eingriffe
19)Neurologie
- Klinische Neurophysiologie
- Neurologie, neuroentwicklungsbedingte Behinderungen
- Neurologie mit speziellen Qualifikationen in kindlicher Neurologie
- Schmerzmedizin
- vaskuläre Neurologie

20)Nuklearmedizin
21)Ernährungslehre
22)Geburtshilfe und Gynäkologie
- mütterliche und fetale Medizin
- Reproduktionsmedizin und Endokrinologie

23)Arbeitstherapie
24)Ophthalmologie
25)Optometrie
26)Kieferchirurgie
27)Orthopädie
- orthopädische Sportmedizin
- Handchirurgie

28)Technische Orthopädie
29)Otolaryngolgy
30)Palliativmedizin
31)Seelsorge
32)Pathologie
- Anatomische und klinische Pathologie
  - Blutbank & Transfusionen

- Dermatopathologie

33)Pädiatrie
- Jugendmedizin
- Kinder & Jugendmedizin
- Hepatologie
- Toxikologie
- Neonatal & Perinatalmedizin
- Kinderkardiologie
- Kinderintensivmedizin
- Kinderdermatologie
- Kindernedokrinologie
- Kindernotfallmedizin
- Kinderendokrinologie
- Kindergastronenterologie
- Kinder Hämato-Onkologie
- Kinderinfektionskrankheiten
- Kindernephrologie
- Kinderotolaryngologie
- Kinderpulmonologie
- Kinderradiologie
- Kinderrehabilitation
- Kinderchirurgie
- Sportmedizin

34)Pharmazie

35)Physikalische Medizin & Rehabilitation
- Kinesiotherapie
- Schmerztherapie
- Kinderrehabilitation
- Therapie bei Bandscheibenschaden

36)Physikalische Therapie

37)Plastische Chirurgie
- Handchirurgie
- Plastische Chirurgie innerhalb des Kopfes und des Halses

38)Podologie

39)Prävention
- Medizinische Toxikologie
- Arbeitsmedizin
- Unterwasser & Hyperbare Medizin

40)Medizinische Grundversorgung

41)Public Health (öffentliches Gesundheitswesen)

42)Radiologie

- Diagnostische Radiologie
- Nuklearmedizin
- Kinderradiologie
- Strahlentherapie
- Radiologische Physik
- Vaskuläre & Interventionelle Radiologie

43)Freizeittherapie
44)Forschung
45)Atemtherapie
46)Sozialarbeit
47)Logopädie
48)Chirurgie

- Kolon & Rektalchirurgie
- Kinderchirurgie
- Handchirurgie
- chirurgische Intensivpflege
- Thoraxchirurgie
- Transplantationschirurgie
- Gefäßchirurgie

49)Tumorboard
50)Urologie

Rolle [12]
Beschreibung: Charakterisiert den Ausbildungs- bzw. den Qualifikationsgrad des Autors, der das Dokument verfasst, allerdings ohne das Fachgebiet oder Unterfachgebiet zu benennen.

1) Assistent
2) Fall-Verantwortlicher (Case-Manager)
3) Geistlicher
4) Rechtsberater
5) Treuhänder
6) Interdiszipliäres Team
7) Medizinische Assistent
8) Krankenpflege
   - Fachpflege
   - Pflegefachkraft
   - Examinierte Krankenpflegekraft

[12] Es ist zu beachten, dass die Berufsbezeichnungen und Rollen tlw. nicht auf das deutsche Gesundheitswesen abbildbar sind.

- Registrierte Krankenpflegekraft
- Zertifizierte Anästhesiepflegekraft (CRNA)
- Hebamme
- Zertifizierte Krankenpflegehelferin

9) Patient
10)Arzt
- Belegarzt
- Facharzt
- Assistenzarzt
- Arzt im Praktikum

11)Medizinischer Assistent
12)Student
- Praktikant

13)Techniker
14)Therapeut

7.4 Regeln zum Zusammenstellen “klinischer Vermerke” mit mehreren Komponenten

Bei der Ausformulierung klinischer Dokumentationen werden die erforderlichen Angaben aus den o. g. vier Untergruppen gewählt.

Das LOINC-Komitee stellt LOINC-Kodes für alle notwendigen Kombinationsmöglichkeiten (aber nicht alle möglichen Kombinationen) zur Verfügung. Ein einfacher Name wäre wie folgt darzustellen:

<Subject Matter Domain> : <Training/Professional Level>: <Setting>: <Type> : Bemerkung*

- (Hier kann eine weitere Untergruppierung platziert werden, sobald wir über weitere Dokumenten-Typen verfügen)

Table 23. Document Ontology LOINC Regeln für die benennung

Component	Property	Time	System	Scale	Method	Class
<Type of Service> <Kind of Document>	Find	Pt	<Setting>	Doc	<SMD>.<Role>	DOC.CLINRPT

Kombinationen sind da erlaubt, wo sie sinnvoll sind. Sie werden mit einem plus (+) dargestellt, um sie von den Elementen „and“ oder „&“ zu unterscheiden.

Bitte beachten Sie, dass zumindest Daten aus einer der vier Untergruppen und das Wort „note“ (Dokumentation) für den vollständigen Namen erforderlich sind. Beispielsnamen wären:

Table 24. Example Document Ontology LOINC Codes

Component	Property	Time	System	Scale	Method	Class
Group counseling note	Find	Pt	Hospital	Doc	{Provider}	DOC.CLINRPT
Evaluation and management note	Find	Pt	Outpatient	Doc	{Provider}	DOC.CLINRPT
Evaluation and management note	Find	Pt	{Setting}	Doc	{Provider}	DOC.CLINRPT
History and physical note	Find	Pt	{Setting}	Doc	{Provider}	DOC.CLINRPT

7.5 Künftige Projekte

Es beabsichtigen weitere, ebenso spezifisch definierte Dokumente und Typ-Achsen für andere Bereiche im Gesundheitswesen erarbeitet.

8. Laborwert Testreihen

Bereits in der Version 1.0 wurden der LOINC-Datenbank Testreihen/Profile hinzugefügt. Im Komponenten-Namen sind sie mit dem Begriff „PANEL“ gekennzeichnet. Da die Art der Eigenschaft hier von den Profil-Bestandteilen bestimmt wird, besteht der 2. Teil der LOINC-Bezeichnung aus einem Bindestrich (-). Sofern die einzelnen Elemente unterschiedliche Skalen ansprechen, ist der Skalen-Teil (5. Teil des LOINC-Namens) ebenso mit einem Bindestrich belegt.

Erkennt eine staatliche Behörde ein Profil an, so geht dies aus dem Komponenten-Namen hervor. Ebenso vermerkt wird das Jahr, in dem das in Frage kommende Anforderungsprofil in Kraft tritt. Beispiel: **`Comprehensive metabolic HCFA 2000 PANELpanel`**.

Weiterhin wurde die RELMA-Datenbank mit einem weiteren Datenfeld, dem **PanelElements**-Feld, ergänzt. Es enthält eine Auflistung der einzelnen Laborwert-Komponenten aus den Anforderungs-Sets, wobei die einzelnen Elemente mit einer Laborwertprofilmarkierung (Flag) gekennzeichnet sind. Die Flags geben vor, wie die Profil-Elemente nach dem Profil-Ergebnis aussehen können und diese Markierung kann eine der drei folgenden Eigenschaften besitzen:

1) R-Required. (vorgeschrieben). Das jeweilige Element wird stets dokumentiert, wenn das Profil-Gesamtergebnis vorliegt.
2) O-optional (wahlweise). Das Profil-Element wird nicht zwingend mit der Gesamtprofil dokumentiert: abhängig von der Entscheidung des Institutes oder den Kapazitäten des berichtenden Labors.
3) C-Conditional (bedingt erforderlich). Hierbei handelt es sich um ein Schlüsselelement im Profil-Bericht. Falls das Ergebnis hierfür keinen Eintrag vorsieht, wird dieses Element automatisch mit „negativ“, „nicht vorhanden“ oder „nicht anwesend“ bewertet.

Nachfolgend einige Beispielprofile von Testreihen:

Tabelle 23: Beispiele für Anforderungssets

Table 25: Beispiele für Anforderungssets

24358-4	**Hemogram panel**	**-**	**Pt**	**Bld**	**Qn**	**R**
26464-8	Leukocytes	NCnc	Pt	Bld	Qn	R
26453-1	Erythrocytes	NCnc	Pt	Bld	Qn	R
718-7	Hemoglobin	MCnc	Pt	Bld	Qn	R
20570-8	Hematocrit	VFr	Pt	Bld	Qn	R
30428-7	Mean corpuscular volume	EntVol	Pt	Bld	Qn	R

28539-5	Erythrocyte mean corpuscular hemoglobin	EntMass	Pt	Bld	Qn	R
38540-3	Erythrocyte mean hemoglobin concentration	MCnc	Pt	Bld	Qn	R
30384-2	Erythrocyte distribution width	EntVol	Pt	Bld	Qn	R
24326-1	**Electrolytes HCFA 98 panel**	**-**	**Pt**	**Ser/Plas**	**Qn**	**R**
2028-9	Carbon dioxide	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R
2075-0	Chloride	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R
2823-3	Potassium	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R
2951-2	Sodium	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R
10466-1	Anion gap 3	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R
1863-0	Anion gap 4	SCnc	Pt	Ser/Plas	Qn	R

8.1 Ziele

Seitens der Anbieter medizinischer Informationssysteme erhielten wir mehrfach Anfragen nach Anforderungs-Kodes in einem Standardprofil, welches wie ein Starter-Set mit allgemeingültigen Kodes für Auftragsanforderungen implementiert werden könnte. Diese Kodes sollen unter anderem die Kommunikation zwischen den beteiligten Krankenhäusern vereinfachen.

Für die meisten Einzel-Laboruntersuchungen, für viele klinische Beobachtungen sowie für Abrechnungsbelege sind LOINC-Kodes definiert. Selbstverständlich können sie sowohl für Aufträge (zum Anfordern von bestimmten Labor- oder Klinik-Untersuchungen) als auch zum Berichten (Ergebnis-Dokumentation) eingesetzt werden. Mit dem LOINC-Kode für Blut-Hämoglobin (LOINC #718-7) beispielsweise kann gleichermaßen eine Blut-Hämoglobin-Untersuchung bestellt wie auch anschließend das entsprechende Laborergebnis dargestellt werden. Auch bei komplexeren Untersuchungen sind diese vordefinierten Kodes einsetzbar. Der Code für einen Urin-Kreatinin-Clearance (LOINC #2164-2) gilt gleichermaßen als Code für die Anforderung einer Kreatinin-Clearance-Bestimmung. Da bei einer Kreatinin-Clearance-Berechnung zwei unterschiedliche Messungen erforderlich sind (Serum-Kreatinin und 24-Stunden Urin-Kreatinin), sind beide Messungen automatisch in der Anforderung enthalten. Bestimmte Testreihen oder Testserien im Labor oder in der Klinik können allerdings nicht mit den vorhandenen Einzelwert-LOINC-Kodes bestellt werden (CBC, Urin-Teststreifen, Differenzialblutbild, LDH-Isoenzyme), da diese Tests jeweils mit mehreren Einzelnamen (Serie) zu versehen sind. Ähnlich

verhält es sich bei physikalischen Messungen oder Blutdruck-Messungen, denn hier geht man davon aus, dass man zumindest zwei Werte (diastolischer und systolischer Druck) erhält. Auch wenn es sich letztendlich um zwei Untersuchungen handelt wird aus praktischen Erwägungen heraus niemals ein Wert ohne den anderen ermittelt.

Ursprünglich wurden LOINC-Kodes für die gängigsten und “feststehenden“ Untersuchungs-Pakete entwickelt. Mit „fest“ sind Kriterien gemeint, die immer selbstverständlich zu einer Testreihe gehören und bei denen stets auf gleiche Verfahren und Instrumente zurückgegriffen wird, um die entsprechenden Ergebnisse zu erhalten. Dies gilt gleichermaßen, wenn es vom Gesetzgeber so vorgeschrieben ist (z. B. LOINC # 24325-3: Hepatic function HCFA 2000 panel). Weitere Typen von Anforderungen wurden entwickelt.

Hintergrundinformation zu den Ergebniskategorien aus Profilanforderungen
Zum besseren Verständnis der Regeln, die für die Erstellung von Profilanforderungen von Bedeutung sind, werden die Ergebnisse aus Laborwertreihen in Kategorien aufgeteilt.

8.2 Reflektive (Reflex-) Tests

Eine Testung kann in mehreren Schritten vorgenommen werden. Im ersten Schritt sind eine bestimmte Anzahl Analysen vorgesehen und je nachdem wie die Analyt-Ergebnisse ausfallen, folgen weitere Analysen (Beobachtungen). Wird beispielsweise ein TSH-Test durchgeführt, hängt es vom Ergebnis ab, ob anschließende Bestätigungs-(Kontroll-)untersuchungen erfolgen. Bislang sind im LOINC noch keine Komponenten für Reflex-Profile vorhanden. Darum werden wir uns in der Zukunft kümmern.

8.3 Berechnete oder abgeleitete Ergebnisse

Manche Ergebnisse für eine Profilanforderung ergeben sich aus einfachen Berechnungen auf der Grundlage von Anfangsmessungen. Ein Element kann sowohl als absolute Konzentration als auch als prozentuale Berechnung angegeben werden (z. B. bei den Basophilen). Da sich aus diesem Vorgehen keine zusätzlichen Informationen ergeben, greifen wir auf einen einzelnen Profilanforderungsbezeichnung zurück, und zwar unabhängig davon, wie viele Ergebnisse aus den Anfangsmessungen abgeleitet werden konnten.

8.4 Assoziierte Beobachtungen

Manche Test-Profile bestehen aus einer bestimmten Anzahl Labormessungen plus einer Reihe Untersuchungen, die durch den Leistungsanforderer der Untersuchung zusammen mit der Anforderung geschickt werden. Der Anforderer gibt z. B. den prozentual ausgedrückten Wert eingeatmeten O_2 , wenn er Tests zu „arteriellen Blutgasen“ anfordert. Das Labor berichtet diesen Wert zusammen mit den direkt gemessenen Werten als „assoziierte Untersuchungen“. Unter diese Kategorie fallen ebenso Volumen-Untersuchungen und Zeitangaben zu Sammlungs- bzw. Entnahme-Vorgängen. Es werden keine gesonderten Profilanforderungen für Aufträge bereitgestellt, bei denen sich die Anzahl klinischer Variablen verändert (nicht vom Labor ermittelt) und die Werte dennoch dokumentiert werden.

8.5 LOINC-Regelungen zur Darstellung der Bezeichnungen für Profilanforderungen

Die meisten Regeln für die LOINC-Namensgebung gelten allgemein sowohl für Untersuchungsreihen (Profile) wie auch für Einzeluntersuchungen.

Komponenten-Bezeichnung: Setzt sich ein Profil-Set aus drei oder mehr Analysenbestandteilen zusammen, wird der Name wie folgt aufgebaut:

7. Ein Name (z. B. Hämogramm, Differentialzählung, Vitalfunktionen), vermittelt einen Überblick über den Profilinhalt.
8. Das Wort „Profil“ legt fest, dass es sich bei diesem Ausdruck um einen Profil- oder Testreihen-Begriff handelt.

Falls ein vollständig definiertes aber unbenanntes Profil vorliegt, werden die einzelnen Messbestandteile durch ein kaufmännisches und (&)-Zeichen im Komponentennamen voneinander getrennt. Bei einer Kreatinin-Untersuchung parallel zu einer Natriummessung im Rahmen einer 24-Stunden-Urin-Untersuchung werden die Einzelnamen mehrerer Profile auf diese Weise zusammengefügt. Eine effiziente Schreibweise, bei der der erste Teil des Namens wiederholt wird, wäre z. B. Chlamydia Ab IgM & IgG Profil.

In den Testreihen-Berichten können etliche Messwerte enthalten sein, die von anderen Werten abgeleitet wurden (z. B. eingeatmetes O_2 für Blutgase), also Werte, die bereits in der Anfrage vorgegeben sind. In der Regel erfolgt keine Differenzierung beim Namen, wenn in Testsets oder Testreihen unterschiedliche Methoden eingesetzt wurden. Sollte in einer Testreihe ein Methodenmix vorkommen, würde eine exakte und detaillierte Differenzierung dieser Messwerte den Rahmen aller Möglichkeiten sprengen, insbesondere im Hinblick darauf, dass diese Unterscheidungen vom Profil-Anforderer zu leisten wären. Die Anforderung eines festgesetzten Satzes sollte darüber hinaus nicht auf Methoden abzielen, die der beauftragte Leistungserbringer nicht anbietet. Grundsätzlich gilt für eine Anforderung die Regel: „Stellen Sie mir Ergebnisse unter Einsatz Ihrer üblichen Methoden zur Verfügung“. Wenn unter besonderen Umständen methodenspezifische Beobachtungsprofile erforderlich sind, können diese zusätzlich angefordert werden. Beispielsweise ein automatisch gemessener Blutdruck kann zur Gegenprüfung zusätzlich als *Blutdruck manuell gemessen* angefordert werden.

Eigenschaft, Zeitaspekt, Skalierung und Methode: In der Regel erhält die Art der Eigenschaft (zweiter Teil des LOINC-Namens!) in einer Profilanforderung nicht zwangsläufig einen Wert zugeordnet. Eigenschaften können sich im Laufe der Testreihenmessungen verändern. Da dieses Datenfeld im LOINC-Namen nicht NULL sein darf, wird an dieser Stelle ein Gedankenstrich (-) eingesetzt. In die Datenfelder für den Zeitaspekt, das System und die Skalierung sind hingegen stets Werte einzutragen.

n dieser ersten Phase haben wir Testreihen für folgende Sets definiert:

1) Hämogramme und Differenzialblutbild (beide sowohl automatisch wie auch manuell)
2) arterielle Blutgase
3) Urinanalysen
4) Isoenzyme
5) IgG- und IgM-Antikörper, wenn sie paarweise auftreten
6) gängige toxikologische Testreihen
7) Verträglichkeitsuntersuchungen
8) spezifische chemische Testreihen der HCFA (Health Care Financing Administration)
9) verschiedene klinische Anforderungen

Beschreibung einiger LOINC-Profile (Anforderungsnamen):

Tabelle 24: Beschreibung einiger LOINC-Profile (Anforderungsnamen)

LOINC-Nr.	vollständig spezifizierter LOINC-Name	Beschreibung
24358-4	**Hemogram panel:-:Pt:Bld:Qn**	Hämatokrit & Hämoglobin & Leukozyten & Erythrozyten & Kennziffern
24359-2	**Hemogram & differential panel :-:Pt:Bld:Qn**	Blutbild & Differenzialblutbild
24361-8	**Hemogram ,platelets & differential panel:-:Pt;Bld:Qn**	Blutbild & Differenzialblutbild & Plättchen
24317-0	**Hemogram & platelet panel:-:Pt:Bld:Qn**	Hämatokrit & Hämoglobin & Leukozyten & Erythrozyten & Kennziffern & Plättchen
24338-6	**Gas panel:-:Pt:Bld:Qn**	pH & PO2 & PCO2 mit Blut, nicht spezifiziert ob arteriell, venös oder aus anderer Quelle. Im Bericht erscheint normalerweise ein Wert für den O2-Gehalt, der mitberichtet wird. Evtl. sind noch vom Anfordernden weitere Daten des Patienten eingefügt, sowie verschiedene EDV-technische Variablen.
24336-0	**Gas panel:-:Pt:BldA: Qn**	pH & PO2 & PCO2 mit arteriellem Blut. Im Bericht erscheint normalerweise ein Wert für den O2-Gehalt, der mitberichtet wird. Evtl. sind noch vom Anfordernden weitere Daten des Patienten eingefügt, sowie verschiedene EDV-technische Variablen.

LOINC-Nr.	vollständig spezifizierter LOINC-Name	Beschreibung
24339-4	**Gas panel:-:Pt:BldV:Qn**	pH & PO2 & PCO2 mit venösem Blut. Im Bericht erscheint normalerweise ein Wert für den O2-Gehalt, der mitberichtet wird. Evtl. sind noch vom Anfordernden weitere Daten des Patienten eingefügt, sowie verschiedene EDV-technische Variablen.
29274-8	**Vital signs measurement:Find:Pt:^Patient^Multi**	Diastolischer Blutdruck & systolischer Blutdruck & Pulsfrequenz & Atmungsfrequenz
24357-6	**UA dipstick panel:-:Pt:Urine:-**	Urinanalysen Teststreifen-Ergebnisse. Enthalten sind i. d. R. Glukose, Bilirubin, Leukozyten – semiquantitativ, Erythrozyten – semiquantitativ, Bakterien – semiquantitativ, pH und spezifisches Gewicht. Die Differenzierung, welche expliziten Messungen auf dem Teststreifen tatsächlich vorhanden sind, abhängig von der Art des Teststreifens, ist nicht vorgesehen. Dem anfordernden Arzt ist i. d. R. nicht bekannt, welcher besondere Teststreifen eingesetzt wurde, für ihn ist diese Differenzierung nicht von Bedeutung.
29576-6	**Bacterial susceptibility panel:-:Pt:Isolate:OrdQn**	Eingeschlossen sind Ergebnisse für Empfindlichkeiten, wichtig für Antibiotika- Isolate und Kultur-Arten.

9. Richtlinien für die Erfassung der Inhalte

9.1 Ziele und Methoden

Wir befinden uns im Prozess des standardisierten Erfassens von Inhalten: Ziele der Verfeinerung des Modells sind:

1) Das Erstellen von Namen, die über verschiedene Bereiche und Domainen innerhalb LOINC konsistent sind
2) Die Vereinfachung der Listenerstellung mit allen Kodes, die als Dokumenttypen in CDA genutzt werden.
3) Die Vereinfachung der Listenerstellung mit allen Kodes, die als Sektionen in CDA genutzt werden.
4) Die Vermeidung von zu vielen Benennungen

Bisher haben wir für Sammelbegriffe Regeln entwickelt, welche auf Labor und Klinische Untersuchungen, Dokumente, APGAR, Braden- und Schmerzskalen anzuwenden sind. Nun werden wir zwei Kategorien unterteilen:

1) Namen für spezifische Elemente
2) Namen für allgemeingültige Informationen

Mit der Anwendung dieser spezifischen Vorgaben, kann die LOINC-Datenbank zwischen LOINC-Sammelbegriffen und individuellen Beobachtungen unterscheiden. Z.B. LOINC beinhaltet bereits die spezifischen Inhalte für CBC, und Leberenzyme. Es wird aber genauso Definitionen für Lebenszeichen, Herzkatheterisierung, die Braden Skala und Untersuchungen führen. Wir werden einen einzelnen LOINC-Kode für jede dieser allgemeingültigen Informationssammlungen schaffen, egal ob es sich um Textdokumente, einem gescannten Text oder einen Sound-File der Information handelt.

Da Sammelbegriffe nach ihrem eigentlichem Namen oder dem vermuteten Inhalt benahmt werden, kann derselbe LOINC-Kode entweder als Dokumententyp oder als Sektion genutzt werden.

9.2 Sammlungen von Anforderung oder Beobachtung

Derselbe LOINC- Kode wird bei der Anforderung von Untersuchungen, des Formulars zur Anforderung der Untersuchung, oder der strukturierten und kodierten Beobachtung der Untersuchung angewandt.

Derselbe Kode für CBC wird genutzt als Anforderung, als Nachricht und als Eintrag in einem OBR Segment einer Ergebnisnachricht. Im selben Stil verfährt man bei Laboranforderungen und Klinischen Untersuchungen.

Bei allgemeingültigen Sammelbegriffen wird der Kode als Anforderung oder Nachricht und als Bezeichner des Ergebnisses genutzt. Z.B. wird der allgemeingültige Name in einer Ergebnisnachricht als Bezeichner des Dokumententyps, als Sektionsüberschrift, als Universal- Identifi-

kator in einem OBR-Segment oder als Identifiaktor in einem OBX-Segment, abhängig von den Gegebenheiten, genutzt. Dieselbe Vorgehensweise wird in der Radiologie und bei klinischen Prozeduren angewendet.

Wir werden die Flexibilität, dass ein Anforderungskode vom Ergebniskode unterschiedlich dargestellt werden kann, nicht verändern. Z.B. ist es oft gewollt, dass in einer Anforderung ein Kode weniger spezifisch ausgedrückt wird, als in einem Befund. LOINC beinhaltet Kodes für „Belastungs-EKG“ mit der Erwartung, dass das Ergebnis als „AHA Protokoll Belastungs-EKG“ zurück gesendet wird. Diese zeigt, dass, falls erforderlich, derselbe LOINC – Kode für Anforderung und Befund ausgewählt werden kann. Aber wir werden keine LOINC-Kodes bereitstellen, die „CBC-Anforderung“ und „CBC-Ergebnis“ lauten, es soll derselbe Kode genutzt werden.

Die derzeitige Vorgehensweise wird auch beibehalten, wenn eine umfassende Prozedur angefordert wird und detaillierte Ergebnisse geliefert werden, wie z.B. Anforderung eines Urikults mit Befundenrückgabe zu Zelltypen, amorphem Material usw..

9.3 LOINC Skala für Sammelbegriffe

Die Skala für spezifische Elemente wird „Panel“ sein. Die Skala für allgemeine Informationen „Doc“ (Dokument), welches generisch für Text Dokument, Bild, gescannter Text, steht. „Doc“ wird „Nar“ (narrative) und „Nom“ (nominal), derzeit genutzt für allgemeingültige Sammelbegriffe, ersetzen.

Das LOINC Komitee wird den derzeitigen Inhalt der LOINC-Datenbank überprüfen und die Namen nach den jetzt geltenden Konventionen modifizieren. Wir werden die Änderungen nicht vor Beendigung des Attachment NPRM implementieren.

9.4 Beispiele für die zukünftigen Änderungen

Tabelle 25: Beispiele für eingereichte Änderungswünsche

LOINC#	Komponente	Eigenschaft	Zeit	System	Skala	Methode	Klasse/Typ
24358-4	Hemogram panel	-	Pt	Bld	Panel		PANEL.HEM/BC
24320-4	Basic Metabolic HCFA 98 panel	-	Pt	Ser/Plas	Panel		PANEL.CHEM
24362-6	Renal Function HCFA 2000 Panel	-	Pt	Ser/Plas	Panel		PANEL.CHEM
34566-0	Vital signs panel	-	Pt	^Patient	Panel		PANEL.VITALS
11488-4	Consultation note	Find	Pt	{Setting}	Doc	{Provider}	ATTACH.CLINRPT
34066-1	Boxed warning section	-	-	^FDA package insert	Doc		DOC.REF
35511-5	Background information	-	-	^Clinical trial	Doc		DOC.REF.CTP

	section			protocol			
35660-0	Path report.final diagnosis section – text	Imp	Pt	Specimen	Doc		TUMRRGT
24534-0	Multisection	Find	Pt	Abdominal vessels	Doc	US.doppler	RAD

10. Standard-Erhebungen

Seit der Version 1.0p ist es seitens des LOINC-Komitees möglich, Standard-Erhebungen einzufügen (Assessments). Die Eingangsmaske enthält Erhebungen, die im Bereich der Krankenpflege benötigt werden: Häusliche Pflegeeinstufung (HHC = Home Healthcare Classification), Qualitätsmarker (QAM), Checkliste für Anzeichen und Symptome bei HIV-infizierten Personen (HIV-SSC), „Leben mit HIV“ und das Omaha-System[13]. Eine detaillierte Beschreibung, wie diese Erhebungen in LOINC bearbeitet und mit anderen LOINC-Achsen verbunden werden, können anderweitig eingesehen werden (Bakken, S. et al. *Evaluations of Clinical LOINC* [Logical Identifiers, Names, and Codes] *for Terminology Model for Standardized Assessment of Measures*, JAMIA, Volume 7, Nov/Dec 2000, p. 529-538.).

Mit diesen Erhebungen ist der Grundstock für die spätere Aufnahme zusätzlicher und standardisierter Messungen von anderen Einrichtungen gelegt.

Die gesamten Erhebungsinstrumentariun und die Inhalte der Fragen sind als Profilstruktur gespeichert, um das Gruppieren und die Hierarchien der Originalformblätter zu gewährleisten. . Diese Datenbank wird kontinuierlich weiterentwickelt, um die Elemente der Instrumente abzubilden, inkl.

1. Die Struktur und die Überschriften (Profile)
2. Strukturierte Liste der Antworten
3. Logiken (Plausibilitätsprüfungen)
4. Hilfen und weiterführende Informationen

10.1 Übertragung von konsolidierten Gesundheitsinformationen

IDas Interesse an Standards für die Übertragung von Patienten Assessments ist gestiegen. Daher arbeitet das Regenstrief Institut mit der Consolidated Health Informatics (CHI) Disability Workgroup und anderen Experten zusammen, um diese Inhalte und die zugehörigeInfrastruktur abzubilden. LOINC enthält das CMS Minimum Data Set version 2 (MDS), CMS’s Outcome and Assessment Information Set (OASIS) und Social Security Administration’s Residual Functional Capacity (RFC).

[13] Anmerkung der Übersetzung: Das Omaha-System ist eine Patientenverwaltungssoftware mit standardisierter Taxonomie speziell für Krankenschwestern und Pflegekräfte zur Behandlung, Dokumentation und Information über/für Patienten, siehe auch www..omahasystem.org.

10.2 LOINC-Darstellung

Die Untersuchungsinstrumente sind in LOINC als sog. Panels dargestellt, welches Konsistent mit dem existierenden Modell für Laborpanels ist. Die LOINC – Kodes wurden sowohl für spezifische Fragestellungen erstellt als auch für Gruppen von Begriffen, die als Hierarchie dargestellt werden sollen.

Zusätzlich werden LOINC-Datenbank und RELMA in Zukunft mit den Definitionen, inklusive der logischen Elemente, Hilfetexten, Kodelisten und Antwortlisten verfeinert.

10.2.1 Structured answer lists

Die Objekte/Fragen in den standardisierten Assessment Instrumenten haben oftmals ganz spezielle vorgegebene Antwortlisten. In den meisten Fällen finden wir Antwortlisten, die die Bedeutung des von der Frage vorgegebenen Konzeptes näher erläutert.

Viele der Antwortmöglichkeiten sind sehr speziell auf eine Frage ausgerichtet, daher werden diese auch mit Kodes von Referenzterminologien ausgewiesen. Aus diesem Grunde haben wir eine strukturierte Repräsentation der Antwortlisten für Fragen und Antworten dargestellt. Antworten sind mit dem nicht-sprechenden Identifizierungskennzeichen “LP”-Präfix versehen und einer MOD-10 Prüfsummennummer.

Die in LOINC zugewiesenen Antwortkodes sind eindeutig (Großbuchstaben werden ignoriert). Es wird extra nicht unterschieden zwischen Begriffen, welche evtl. Unterschiedliche Bedeutung in verschiedenen Anwendungsbereichen haben.

Anhang A – LOINC Datenbank-Struktur

#	Name Datenfeld	Typ	Breite	Beschreibung
1.	LOINC_NUM	Text	7	Der eindeutige LOINC-Kode ist eine Zeichenkette in dem Format nnnnn-n.
2.	COMPONENT	Text	255	In den Datenfeldern 2-7 stehen jeweils die sechs Teile des LOINC-Namens (LOINC-Bezeichners). Der VSB (voll spezifizierte Bezeichner) eines LOINC-Kodes wird erstellt, indem man den Inhalt dieser Felder (2-7) vorgibt. Ein Doppelpunkt (:) unterteilt den LOINC-Namen (Bezeichner) in seine Einzelbestandteile.
3.	PROPERTY	Text	30	
4.	TIME_ASPCT	Text	15	
5.	SYSTEM	Text	100	
6.	SCALE_TYP	Text	30	
7.	METHOD_TYP	Text	50	
8.	RELAT_NMS	Text	254	Dieses Datenfeld besteht nicht mehr. Es wurde ersetzt durch #58 Related Names2
9.	CLASS	Text	20	Eine willkürliche Klassifizierung zur Gruppierung von Begriffen, die in einem Verhältnis stehen. Die aktuellen Klassifizierungen sind in den Tabellen 26 bis aufgeführt. In der Datenbank stehen das Klassen-Datenfeld mit dem Klassen-Typ zusammen (siehe Datenfeld 35). Die Datenbank kann seitens der Anwender jederzeit den eigenen Erfordernissen entsprechend umsortiert und/oder es können sogar eigene Klassifizierungsfelder hinzugefügt werden. Der Name muss die Labortest-Unterklassen inhaltlich eindeutig wiedergeben, auch wenn zusätzliche Spezifizierungen manchmal erforderlich sind. In der Mikrobiologie werden aufgeführt: alle durchgeführten Tests zur Identifizierung von Mikroorganismen, Infektionsursachen durch bestimmte Organismen, Kulturen, die durch direkte mikroskopische Untersuchung festgestellt werden, sowie der Nachweis für vorhandene oder durchlaufene Infektionen aufgrund spezifischer Organismen. Weiterhin sind in der Mikrobiologie Tests für Antikörper, DNS und RNS enthalten. In der Serologie-Klasse sind keine Antikörper- oder Antigenuntersuchungen mit Mikroorganismen enthalten. Die Molekularpathologie-Klasse enthält keinerlei DNS- oder RNS-bezogene Tests für infektiöse Organismen (diese sind abschließend in der Klasse Mikrobiologie enthalten). Die Klasse Blutbank: alle Tests im Zusammenhang mit dem Oberbegriff Blutbank, einschließlich AB0-Rh-Tests. Allergie-Klasse: die Testungen für Allergen-Antikörper (Katzenhaare, Bäume, etc). Serologie-Klasse: Rheumatologische-, Autoantikörper-, Antigen-Untersuchungen, die in den o. g. zwei Klassifikationen nicht enthalten sind. Hämatologie- oder Zellzählungen ohne Gerinnungsuntersuchungen, da diese in einer getrennten Klasse aufgeführt werden. Messungen für komplementäre Aktivitäten sind nicht in der Chemie-, sondern in der Hämatologie-Klasse enthalten. Die Chemie-Klasse umfasst keine Challenge-Tests (Toleranz- und Belastungstests) wie beispielsweise die Glukose-Toleranz und die ACTH-Stimulation. Diese befinden sich gesondert unter der Kategorie Challenge-Tests.
10.	SOURCE	Text	8	Zum internen Gebrauch und für den Anwender nicht von Bedeutung.
11.	DT_LAST_CH	Text	8	Datum der letzten Abänderung dieses Datensatzes in der Schreibweise JJJJMMTT.
12.	CHNG_TYPE	Text	3	Eine Typisierung der Änderung Typ-Code. DEL=delete (Löschung); ADD=add (hinzufügen), NAM=change to Analyte/Component (Änderung des Analyts/der Komponente) (field #2); MAJ=change to name field other than #2 (#3-#7) (Änderung des Namenfeldes sofern nicht #2 (#3-#7); MIN= change to field other than name (Datenfeldänderung außer Namen); UND = undelete (wiederherstellen).
13.	COMMENTS	Memo	-	Kommentare im freien Text zu einem Testergebnis.

#	Name Datenfeld	Typ	Breite	Beschreibung
14.	ANSWERLIST	Memo	-	Ergebnisliste für eine Multiple-Choice-Abfrage (z. B. die Antworten auf Blood product disposition (Verfügbarkeit Blutbeutel) können lauten GIVEN (vorhanden), PARTIALLY GIVEN (teilweise vorhanden) oder DISCARDED (entsorgt). Dieses Datenfeld gibt Antwortmöglichkeiten vor, eine Antwortenliste ist somit nicht erforderlich.
15.	STATUS	Text	3	Der Status „abgelehnt“ oder „ersetzt“ wird in diesem Feld mit DEL angegeben (ansonsten ein Leerezeichen). Dient zum Markieren von Begriffen und trägt der Entwicklung der Datenbank Rechnung. LOINC-Kodes werden nicht dauerhaft wiederverwendet, sie werden auch nicht aus der Datenbank entfernt. Anstatt dessen werden Kreuzverweise zu „ersetzten“ Begriffen aus Datenfeld 20 vorgenommen.
16.	MAP_TO	Text	7	Einzusetzen, wenn ein Datenfeld von der aktiven Datenbank entfernt wird (Eingabe von „DEL“ im Datenfeld STATUS) und ein neuer Begriff verfügbar ist. In diesen Fallen enthält „Map_To“ den neuen LOINC-Kode des neuen Begriffs, der von nun ab verwendet wird.
17.	SCOPE	Text	20	Derzeit nicht verwendet.
18.	NORM_RANGE	Text	30	Normalbereich – Beispiel-Antworten aus realen Tests.
19.	IPCC_UNITS	Text	30	Einheiten können in RELMA eingesehen werden.
20.	REFERENCE	Memo	-	Enthält medizinische Referenzliteratur, Produktankündigungen oder weitere schriftliche Informationsquellen zu Tests oder Messungen, die durch einen LOINC-Datensatz dargestellt werden oder ihn referenzieren.
21.	EXACT_CMP_SY	Text	50	Genaues Synonym für den Kernbestandteil: Dieses Datenfeld enthält ein exaktes Synonym des “Kernbestandteils” des LOINC-Komponentennamens. Beigefügt sind gemischte Schreibweisen und die „Hochstellungen“-Formen aus Blutbank und HLA-Antigenen (z.B. Lua). Da es keine ASCII-Schreibweise für hochgestellte Buchstaben gibt, setzen wir das (^)-Zeichen in diesen Datensatz ein (z. B. eine Komponente/Analyt little super little a in der exakten Synonym-Schreibweise lautet Lu^a.).
22.	MOLAR_MASS	Text	13	Molekulargewicht: dieses Datenfeld enthält das Molekulargewicht chemischer Bestandteile, wie sie uns mitgeteilt werden. Die Werte in der vorliegenden Ausgabe sind uns freundlicherweise von der IUPAC zur Verfügung gestellt worden.
23.	CLASSTYPE	Int	2	1= Labor-Klassifizierung, 2 = Klinische Klassifizierung, 3 = Abrechnungsbelege als Anhänge, 4 = Erhebungen.
24.	FORMULA	Text	255	Mathematische Berechnung vieler US-amerikanischer Begriffe aus der Geburtshilfe.
25.	SPECIES	Text	20	Diese Kodes geben an, auf welche nicht-menschlichen Spezies dieser Begriff anzuwenden ist. Ist ein Leerzeichen eingesetzt, geht man von der „human“-Spezies aus.
26.	EXMPL_ANSWERS	Memo	-	Für manche Tests und Messungen haben wir gültige und mögliche Antworten vorgegeben, beispielsweise “1:64“, „negativ @ 1:16” oder “55” . Diese entsprechen nicht dem ANTWORTENLISTE-Datenfeld, das nominale Skalen-Ausdrücke als Antwortmöglichkeiten vorsieht.
27.	ACSSYM	Memo	-	Synonyme für chemische Namen, Namensalternativen-Synonyme und chemische Formeln der Chemical Abstract Society.
28.	BASE_NAME	Text	50	Chemischer Basisname von CAS.
29.	FINAL	Text	1	LOINC-Datenfeld zum internen Gebrauch.
30.	NAACCR_ID	Text	20	Diagramme der North American Association of Central Cancer Registries (US-Amerikanischen Krebsregister-Gesellschaft)
31.	CODE_TABLE	Text	10	Beispiele des CR0050 Krebs-Registers.
32.	SETROOT	Ja/ Nein	1	Derzeit für Abrechnungsbelege genutzt. Ein „Ja“ in diesem Feld bedeutet, dass es sich um den Stamm eines Satzes von LOINC-Kodes handelt.
33.	PANELELEMTENTS	Memo	-	Dieses Feld wird nicht weiter gepflegt. Siehe „Viewing LOINC Details” in RELMA.
34.	SURVEY_QUEST_TXT	Text	255	Wortgetreue Frage aus den Erhebungsinstrumenten.
35.	SURVEY_QUEST_SRC	Text	50	Exakter Name der Erhebung, die Position und die Nummer der Frage.

#	Name Datenfeld	Typ	Breite	Beschreibung
36.	UNITSREQUIRED	Text	1	J/N-Feld. Gibt an, dass Einheiten vorgeschrieben sind wenn dieser LOINC als OBX-Segment in einem HIPAA-Anhang auftritt. Einheiten können in RELMA eingesehen werden.
37.	SUBMITTED_UNITS	Text	30	Beispiel – “Einheit”, wie vom ursprünglichen Anforderer angegeben.
38.	RELATEDNAMES2	Memo	-	Ein neues Feld, das mit Version 2.05 aufgenommen wurde. Es enthält Synonyme für alle Bestandteile des „vollständig spezifizierten“ LOINC-Namens (Komponente, Eigenschaft, Zeit, System, Skala und Methode). Es ersetzt #8, Relat_NMS.
39.	SHORTNAME	Text	40	Mit Version 2.07 eingeführt. Es ist eine Verknüpfung des „vollständig spezifizierten“ LOINC-Namens. Die Feld-Breite wird sich in einer späteren Ausgabe verändern.
40.	ORDER_OBS	Text	15	Definiert den Begriff als „ausschließlich Anforderung “, „ausschließlich Untersuchung“ oder beides. Eine vierte Kategorie – Subset – wird für Begriffe verwandt, die als Unter-Set eines Profils zu verstehen sind und nicht als Anforderungs-„Paket“ aufgenommen werden können. Es geht um die vereinfachte Beibehaltung des LOINC – Aufbaus für Profile oder andere Sets.
41.	CDISC_COMMON_TESTS	Text	1	Ein “J” in diesem Feld bedeutet, dass der Begriff ein Teil einer Untermenge ist, die von CDISC bei klinischen Versuchen verwendet wird.
42.	HL7_FIELD_SUBFIELD_ID	Text	50	Ein Eintrag in diesem Feld bedeutet, dass der Inhalt an eine HL7-Nachricht geliefert werden soll. Bei NULL sollten die Daten dieses Elementes an das OBX-Segment gesendet werden, wobei der LOINC Kode im OBX-Element 3 gespeichert wird und der Wert in OBX-5.
43.	EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE	Memo		Copyright – Bedingungen von externen Copyright-Inhabern für diesen Kode.
44.	EXAMPLE_UNITS	Text	255	Dieses Feld repräsentiert Beispieleinheiten. Diese stellen keine Empfehlung dar.
45.	INPC_PERCENTAGE	Number	-	Siehe PMID: 18693941
46.	LONG_COMMON_NAME	Test	155	Dieses Feld beinhaltet den lesbaren LOINC-Begriff in englischer Sprache.

Anhang B – Klassen (Klassifizierungen)

Tabelle 26: Klassifizierungen klinischer Begriffe (Klassen)

Abkürzung	**Klassifizierung**
ART	Antiretroviral therapy (Antiretrovirale Therapie)
BDYCRC.ATOM	Body circumference atomic (Körperumfang – atomar)
BDYCRC.MOLEC	Body circumference molecular (Körperumfang – molekular)
BDYHGT.ATOM	Body height atomic (Körpergröße – atomar)
BDYHGT.MOLEC	Body height molecular (Körpergröße – molekular)
BDYSURF.ATOM	Body surface atomic (Körperoberfläche – atomar)
BDYTMP.ATOM	Body temperature atomic (Körpertemperatur – atomar)
BDYTMP.MOLEC	Body temperature molecular (Körpertemperatur – molekular)
BDYTMP.TIMED.MOLE	Body temperature timed molecular (Körpertemperatur zu bestimmter Zeit – molekular)
BDYWGT.ATOM	Body weight atomic (Körpergewicht – atomar)
BDYWGT.MOLEC	Body weight molecular (Körpergewicht – molekular)
BP.ATOM	Blood pressure atomic (Blutdruck – atomar)
BP.CENT.MOLEC	Blood pressure central molecular (Mittelwert Blutdruck – molekular)
BP.MOLEC	Blood pressure molecular (Blutdruck – molecular)
BP.PSTN.MOLEC	Blood pressure positional molecular (Blutdruck im Ruhezustand – molekular)
BP.TIMED.MOLEC	Blood pressure timed molecular (Blutdruck bestimmte Zeit – molekular)
BP.VENOUS.MOLEC	Blood pressure venous molecular (Blutdruck venös – molekular)
CARD.US	Cardiac ultrasound (was US.ECHO) (Herz-Ultraschall – (ehem. US.ECHO)
CLIN	Clinical NEC (not elsewhere classified) (nekrotisierende Enterocolitis, nicht weiter klassifiziert)
DENTAL	Dental
DEVICES	Medical devices (Medizingeräte)
DOC.CLINRPT	Clinical report documentation (klinischer Bericht – Dokumentation)
DOC.REF	Referral documentation (Überweisungs-Dokumentation)
DOC.REF.CTP	Clinical trial protocol document (klinische Versuche Protokoll – Dokumentation)
DOCUMENT.REGULATORY	Regulatory documentation (Behörden-Dokumentation)
ED	ED Department (DEEDS) [Notfallambulanz (DEEDS)]
EKG.ATOM	Electrocardiogram atomic (Elektrokardiogramm atomar)

Abkürzung	Klassifizierung
EKG.IMP	Electrocardiogram impression (Elektrokardiogramm Beurteilung)
EKG.MEAS	Electrocardiogram measures (Elektrokardiogramm Messungen)
ENDO.GI	Gastrointestinal endoscopy (Gastrointestinale Endoskopie)
EYE	Eye (Auge)
EYE.CONTACT_LENS	Ophthalmology Contact Lens (Augenheilkunde Kontaktlinsen)
EYE.GLASSES	Ophthalmology Glasses: Lens Manufacturer (LM) & Prescription (Augenheilkunde Brille: Brillengläserhersteller & Verschreibung)
EYE.HETEROPHORIA	Ophthalmology Heterophoria (Ophtamologie Heterophorie)
EYE.PX	Ophthalmology Physical Findings (Ophtamologie physische Befunde)
EYE.REFRACTION	Ophthalmology Refraction (Ophtamologie Refraktionsvermögen)
EYE.RETINAL_RX	Ophthalmology Treatments (Ophtamologie Behandlungen)
EYE.TONOMETRY	Ophthalmology Tonometry (Ophtamologie Tonometrie)
EYE.US	Ophthalmology Ultrasound (Ophtamologie Ultraschall)
EYE.VISUAL_FIELD	Ophthalmology Visual Field (Ophtamologie Sehfeld)
FUNCTION	Functional status (e.g. Glasgow) [Funktionsstatus (z.B. Glasgow)]
GEN.US	General Ultrasound (allgemeiner Ultraschall)
H&P.HX	History (Krankengeschichtliche Anamnese)
H&P.PX	Physical (Physische Anamnese)
H&P.SURG PROC	Surgical procedure (Chirurgischer Eingriff)
HEMODYN.ATOM	Hemodynamics anatomic (Hämodynamik anatomisch)
HEMODYN.MOLEC	Hemodynamics molecular (Hämodynamisch molekular)
HRTRATE.ATOM	Heart rate atomic (Herzfrequenz atomar)
HRTRATE.MOLEC	Heart rate molecular (Herzfrequenz molekular)
HRTRATE.TIMED.MOL	Heart rate timed molecular (Herzrate zu bestimmter Zeit molekular)
IO.TUBE	Input/Output of tube (Einsatz/Entnahme Röhre)
IO_IN.ATOM	Input/Output atomic (Einsatz/Entnahme atomar)
IO_IN.MOLEC	Input/Output molecular (Einsatz/Entnahme molekular)
IO_IN.SUMMARY	Input/Output summary (Einsatz/Entnahme Zusammenfassung)
IO_IN.TIMED.MOLEC	Input/Output timed molecular (Einsatz/Entnahme zu bestimmter Zeit molekular)
IO_IN_SALTS+CALS	Input/Output electrolytes and calories (Stoffwechselbilanzen Elektrolyte und Kalorien)
IO_OUT.ATOM	Input/Output. Atomic (Stoffwechselbilanzen atomar)
IO_OUT.MOLEC	Input/Output. Molecular (Stoffwechselbilanzen molekular)
IO_OUT.TIMED.MOLE	Input/Output Timed Molecular (Stoffwechselbilanzen zu einer bestimmten Zeit molekular)

Abkürzung	Klassifizierung
NEONAT	Neonatal measures (Messungen Neugeborene)
OB.US	Obstetric ultrasound (Sonographie Geburtshilfe)
OBGYN	Obstetrics/gynecology (Geburtshilfe/Gynäkologie)
PANEL.ART	Antiretroviral therapy order set (Anforderungs-Set für Antiretrovirale Therapie)
PANEL.BDYTMP	Body temperature order set (Körpertemperatur Anforderungs-Set)
PANEL.BP	Blood pressure order set (Blutdruck Anforderungs-Set)
PANEL.CARDIAC	Cardiac studies order set (Herz-Studien Anforderungs-Set)
PANEL.CV	Cardiovascular order set (Kardiovaskuläres Anforderungs-Set)
PANEL.DEVICES	Medical devices order set (Medizingeräte Anforderungs-Set)
PANEL.DOC.CLINRPT	Clinical report documentation set (Dokumentations-Set für den medizinischen Bericht)
PANEL.FUNCTION	Function order set (Funktionen Anforderungs-Set)
PANEL.HEDIS	Healthcare & Effectiveness Data Information Set (Gesundheits- und Leistungsfähigkeit Anforderungs-Set)
PANEL.H&P	History & physical order set (Anamnese Anforderungs-Set)
PANEL.IO	Input/Output order set (Stoffwechselbilanzen Anforderungs-Set)
PANEL.NEONAT	Neonatal measures set (Mess-Set für Neugeborene)
PANEL.OB.US	Obstetrical ultrasound order set (Geburtshilfe Ultraschall Anforderungs-Set)
PANEL.PATIENT SAFETY	Patient safety set (Set für Patientensicherheit)
PANEL.RAD	Radiology order set (Radiologisches Anforderungs-Set)
PANEL.TUMRRGT	Tumor registry order set (Tumorregister Anforderungs-Set)
PANEL.US.URO	Urology ultrasound order set (Urologie Ultraschall Anforderungs-Set)
PANEL.VITALS	Vital signs order set (Vitalfunktionen Anforderungs-Set)
PATH.PROTOCOLS.BRST	Pathology protocols breast (Pathologie Protokolle Brust)
PATH.PROTOCOLS.GENER	Pathology protocols – general (Pathologie Protokolle allgemein)
PATH.PROTOCOLS.PROST	Pathology protocols – prostate (Pathologie Protokolle Prostata)
PATH.PROTOCOLS.SKIN	Pathology protocols – skin (Pathologie Protokolle Haut)
PATIENT SAFETY	Patient safety (Patientensicherheit)
PULM	Pulmonary ventilator management (Lungen-Ventilationsmanagement)
RAD	Radiology (Radiologie)
RESP.ATOM	Respiration atomic (Atmung atomar)
RESP.MOLEC	Respiration molecular (Atmung molekular)
RESP.TIMED.MOLEC	Respiration timed molecular (Atmung zu bestimmter Zeit molekular)
SKNFLD.MOLEC	Skinfold measurements molecular (Hautfaltenmessungen molekular)

Abkürzung	Klassifizierung
TRNSPLNT.ORGAN	Organ transplant (Organtransplantat)
TUMRRGT	Tumor registry (NAACCR) [Tumor Registrierung (NAACCR)]
US.URO	Urological ultrasound (Urologie Ultraschall)
VACCIN	Vaccinations (Impfungen)
VOLUME.MOLEC	Volume (specimens) molecular (Volumen [Probe] molecular)

Abkürzungen	Klassifizierung
ABXBACT	Antibiotic susceptibility (Antibiotische Empfindlichkeiten)
ALLERGY	Response to antigens (Reaktion auf Antigene)
BLDBK	Blood bank (Blutbank)
CELLMARK	Cell surface models (Zellenoberflächemodelle)
CHAL	Challenge tests (Belastungs- und Toleranz-Tests)
CHALSKIN	Skin challenge tests (Haut Challenge-Tests)
CHEM	Chemistry (Chemie)
COAG	Coagulation study (Koagulations-Studie)
CYTO	Cytology (Zytologie)
DRUG/TOX	Drug levels and Toxicology (Wirkstoffspiegel und Toxikologie)
DRUGDOSE	Drug dose (for transmitting doses for pharmacokinetics) □Wirkstoff-Dosis (zur Übermittlung der Dosis an Pharmakokinetik)□
FERT	Fertility (Fruchtbarkeit)
HEM/BC	Hematology (coagulation) and differential count □Hämatologie (Gerinnung) und Differenzialblutbild□
HLA	HLA tissue typing antigens (HLA-Antigene und Antikörper-Gewebetypisierung)
HPA	HPA typing (HPA-Typisierung)
HL7.GENETICS	Clinical Genetic report (Genetikbericht)
MICRO	Microbiology (Mikrobiologie)
MISC	Miscellaneous (Verschiedenes)
MOLPATH	Molecular Pathology (Molekularpathologie)
MOLPATH.DEL	Gene deletion (Gendeletion)
MOLPATH.GENERAL	General Molecular Pathology (Molekularpathologie allgemeingültig)
MOLPATH.MUT	Gene mutation (Genmutation)
MOLPATH.MISC	Gene miscellaneous (Verschiedene Gene)
MOLPATH.REARRANGE	Gene rearrangement (Genneuanordnung)

Abkürzungen	Klassifizierung
MOLPATH.TRINUC	Gene trinucleotide repeats (GentTrinukleotidwiederholungen)
MOLPATH.TRISOMY	Gene chromosome trisomy (Gen-Chromosom-Trisomie)
MOLPATH.TRNLOC	Gene translocation (Gentranslokation)
NR.STATS	Normal range statistics (Normalwertestatistik)
PANEL.ABXBACT	Susceptibility order set (Empfindlichkeiten Anforderungs-Set)
PANEL.ALLERGY	Allergy order set (Allergie Anforderungs-Set)
PANEL.BLDBK	Blood bank order set (Blutbank Anforderungs-Set)
PANEL.CELLMARK	Cellmarker order sets (Zellmarker Anforderungs-Set)
PANEL.CHAL	Challenge order set (Belastungs- und Toleranztest-Anforderungs-Set)
PANEL.CHEM	Chemistry order set (Chemie-Anforderungs-Set)
PANEL.COAG	Coagulation order set (Blutgerinnung-Anforderungs-Set)
PANEL.DRUG/TOX	Drug levels and toxicology order set (Wirkstoffspiegel und Toxikologie Anforderungs-Set)
PANEL.FERT	Fertility testing order set (Fertilität Anforderungs-Set)
PANEL.HLA	HLA order set (HLA Anforderungs-Set)
PANEL.HPA	HPA order set (HPA Anforderungs-Set)
PANEL.HL7.GENETICS	HL7 genetics panel (HL7 Anfordungsset Genetik)
PANEL.MICRO	Microbiology order set (Mikrobiologie-Anforderungs-Set)
PANEL.MISC	Miscellaneous order set (Sonstige Anforderungs-Sets)
PANEL.MOLPATH	Molecular pathology order set (Molekularpathologie-Anforderungs-Set)
PANEL.OBS	Obstetrics order set (Geburtshilfe Anforderungs-Set)
PANEL.SERO	Serology order set (Serologie Anforderungs-Set)
PANEL.UA	Urinalysis order set (Urinanalyse Anforderungs-Set)
PATH	Pathology (Pathologie)
SERO	Serology (antibodies and most antigens except blood bank and infectious agents) [(Serologie (Antikörper und die meisten Antikörper mit Ausnahme der Blutbank und Infektions-Überträger)]
SPEC	Specimen characteristics (Probeneigenschaften)
UA	Urinalysis (Urinanalyse)

Abkürzung	Klassifizierung
ATTACH.GENERAL	General Attachment (Anhang)
ATTACH.AMB	Ambulance claims attachment (Anhang Krankenwagen-Abrechnungsbeleg)
ATTACH.CARD	Cardiac attachment (Anhang Herz)

Abkürzung	Klassifizierung
ATTACH.GENERAL	General Attachment (Anhang)
ATTACH.CLINRPT	Clinical report attachment (Anhang Klinischer Bericht)
ATTACH.CPHS	Children´s Preventive Health System Attachments (Anhang Pädiatrisches Gesundheitliches Präventionssystem)
ATTACH.ED	Emergency department attachment (Anhang Notaufnahme)
ATTACH.GI	Gastrointestinal attachment (Anhang Gastrointestinal)
ATTACH.LAB	Laboratory claims attachment (Anhang Labor-Abrechnungsbeleg)
ATTACH.MEDS	Medication attachment (Anhang Medikation)
ATTACH.MODIFIER	Modifier attachment (Anhang Abänderungen)
ATTACH.OBS	Obstetrics attachment (Anhang Geburtshilfe)
ATTACH.REHAB	Rehabilitation attachment (Anhang Rehabilitation)
ATTACH.REHAB.ABUSE	Alcohol/Substance Abuse Rehabilitation attachment (Anhang Alkohol-/Drogenmissbrauch Rehabilitation)
ATTACH.REHAB.CARDIAC	Cardiac Rehabilitation attachment (Anhang Herz Rehabilitation)
ATTACH.REHAB.NURS	Specialized Nursing attachment (Anhang Spezialpflege)
ATTACH.REHAB.OT	Occupational Therapy attachment (Anhang Beschäftigungstherapie)
ATTACH.REHAB.PSYCH	Psychiatric Rehabilitation attachment (Anhang Rehabilitation Psychiatrie)
ATTACH.REHAB.PT	Physical Therapy attachment (Anhang Physiotherapie)
ATTACH.REHAB.PULM	Pulmonary attachment (Anhang Lungenheilkunde)
ATTACH.REHAB.RT	Respiratory Therapy attachment (Anhang Atemtherapie)
ATTACH.REHAB.SOCIAL	Medical Social Work attachment (Anhang medizinischer Sozialdienst)
ATTACH.REHAB.SPEECH	Speech Therapy Rehabilitation attachment (Anhang Sprachtherapie Rehabilitation)
ATTACH.RESP	Respiratory attachment (Anhang Atmung)

Abkürzung	Klassifizierung
PANEL.SURVEY.CARE	Verlaufsassessment – Dokumentation und Evalutations Set (CARE)
PANEL.SURVEY.GDS	Geriatrie Depression Scale – Depressionsskala Geriatrie
PANEL.SURVEY.HHCC	Home Health Care Classification Set – Erhebung zur Klassifikation in der häuslichen Pflege
PANEL.SURVEY.HIV-SSC	Signs and Symptoms Checklist for Persons with HIV Survey (Erhebungs-Checkliste für Anzeichen und Symptome für Personen mit HIV)
PANEL.SURVEY.LIV-HIV	Living with HIV Survey (Erhebung “Leben mit HIV“)
PANEL.SURVEY.MDS	Minimum Data Set for Nursing Home Resident Assessment and Care

Abkürzung	Klassifizierung
PANEL.SURVEY.CARE	Verlaufsassessment – Dokumentation und Evalutations Set (CARE)
	Screening (Minimaldatensatz für die Beurteilung von Heimbewohnern in der Pflegeplanung)
PANEL.SURVEY.NMMDS	Nursing Management Minimal Data Set – Minimaldatensatz Pflegemanagement
PANEL.SURVEY.OASIS	Outcome and Assessment Information Survey sets (Set für Ergebnis- und Assessment- Erhebungen)
PANEL.SURVEY.OMAHA	OMAHA Survey Set (Set Erhebung OMAHA)
PANEL.SURVEY.PHQ9	Patient Health Questionnaire PHQ-9 sets (Set für den Gesundheitsfragebogen für Patienten)
PANEL.SURVEY.QAM	Quality Audit Marker sets (Qualitätsaudit-Sets)
PANEL.SURVEY.QAM	Quality Audit Marker Set (Set zur Erhebung der Qualitätsmanagementaudit-Marker)
PANEL.SURVEY.RFC	Residual Functional Capacity Assessment (Bewertung der Residualkapazität)
SURVEY.CARE	Verlaufsassessment – Dokumentation und Evalutation (CARE)
SURVEY.GDS	Geriatric Depression Scale (GDS) (Depressionsskala Geriatrie)
SURVEY.MDS	Minimum Data Set for Nursing Home Resident Assessment and Care Screening sets (Minimaldaten für Pflegeheimbewohner und für Behandlungsscreenings)
SURVEY.NURSE.HHCC	Home Health Care Classification Survey (Klassifikation für Häusliche Pflege)
SURVEY.NURSE.HIV-SSC	Signs and Symptoms Checklist for Persons with HIV Survey (Checkliste für Anzeichen und Symptome von Personen mit HIV)
SURVEY.LIV-HIV	Living with HIV („Leben mit HIV“)
SURVEY.OMAHA	OMAHA Survey (Erhebung OMAHA)
SURVEY.QAM	Quality Audit Marker (Qualitätsaudit)
SURVEY.OASIS	Outcome and Assessment Information Survey (Ergebnis- und Assessment- Erhebungen)
SURVEY.PHQ9	Patient Health Questionnaire PHQ-9 (Patienten-Gesundheitsfragebogen PHQ-9)
SURVEY.RFC	Residual Functional Capacity Assessment (Bewertung der Residualkapazität)

Anhang C – Berechnung der modulo10 Kontroll-Ziffer

Der Berechnungsalgorithmus für die mod. 10 Kontroll-Kennziffer ist wie folgt:

Anweisungen		**Beispiel**
Zu berechnende Beispielzahl: 12345		
(1)	Unter Verwendung der Nummern 12345, zugewiesen von rechts nach links	1. = 5 2. = 4 3. = 3 4. = 2 5. = 1
(2)	Nun wählt man die ungeraden Ziffernpositionen von rechts beginnend (1., 3., 5., usw.)	531
(3)	Multipliziere mit der Zahl 2	1062
(4)	Nimm die geraden Ziffernpositionen – von rechts beginnend (2., 4., etc.)	42
(5)	Positioniere das Ergebnis von (4) vor das Ergebnis von (3).	421062
(6)	Bilde die Quersumme aus (5)	4+2+1+0+6+2 = 15
(7)	Finde das zu (6) nächsthöhere Vielfache der Zahl 10	20
(8)	(6) wird von (7) subtrahiert	20 – 15 = 5.

D. h., Damit ist 5 die „mod. 10 Kontrollziffer“ von 12345

Anhang D – Verfahren für Ergänzungs- bzw. Änderungsanträge

Das Verfahren zum Einreichen von Ergänzungen und Änderungen zur LOINC Datenbank.

Einleitung

Beim *Regenstrief Institute* gehen in der Regel zwei Arten von Ergänzungsanträgen ein:

(1) Anträge für eine vollkommen neue Art der Messung, z. B. bei der DNS-Sequenzierung und dem Einsatz von LOINC-Kodes in Bereichen, über die das LOINC-Komitee bislang nicht entschieden hat, z.B. Begriffsdefinitionen zur Aufnahme des Erregers 1, Erregers 2, etc., meist Strukturen, die in vielen Datenbanken von Laboratorien üblich sind.

(2) Weitere Anfragen betreffen Abweichungen von Untersuchungen, die bereits in der Datenbank vorhanden sind. Es ist beispielsweise bereits ein Ausdruck für ein Laborwert mit einer Serumprobe vorhanden, der Anwender beantragt zusätzlich eine identische Begrifflichkeit für Proben des Mageninhalts. Wenn der Antragsteller die untenstehende Regeln beherzigt und es sich nicht um eine unangemessen große Anzahl beantragter Ausdrücke handelt, bemühen wir uns um eine schnellstmögliche Bearbeitung dieser Anfragen.

Das Institut ist allerdings nur dann in der Lage solche Anfragen rasch zu bearbeiten, wenn aus dem Antrag deutliche Angaben zu den neuen Ausdrücken hervorgehen. Die Tabellen 28 bis 28 enthält alle erforderlichen Angaben zur Beurteilung, ob ein eingesandter Code zu einem LOINC-Kode werden kann oder nicht. Bitte stellen Sie vor der Einsendung des Antrages sicher, dass Ihr Antrag Informationen über die Komponente, die Eigenschaft, den Zeitaspekt, das System, die Skalen und die Methode enthält. Hilfreich ist für uns meistens auch eine Angabe der Maßeinheiten und von Beispielergebnisse (Antworten) für den beantragten Test oder für die Untersuchung. Mit diesen Daten sind wir in der Lage, die Eigenschaft, die Skala und die Methode zu überprüfen.

Sie haben die Möglichkeit, sich entweder für eine selbst erstellte Datei zu entscheiden, oder sich eine vom RELMA erstellen zu lassen. Unabhängig davon, welche Vorgehensweise Sie wählen, können Sie dem *Regenstrief Institute* Ihre Datei in drei verschiedenen Formaten zur Verfügung stellen. Die von uns bevorzugte Variante ist eine Microsoft Access Datenbank (*.mdb) (wie sie auch von RELMA erstellt wird). Das zweite Format wäre eine tabulatorbegrenzte ASCII -Datei (.txt) und die dritte Möglichkeit wäre ein Microsoft Excel-Spreadsheet (*.xls). Die unten aufgeführten Beispiels-Dateien und die entsprechenden Datenfeld-Beschreibungen sind als Unterstützung für diejenigen gedacht, die eine Datei mit eigenen Mittel und ohne Zuhilfenahme der Software RELMA zusammenstellen möchten.

Einige Anmerkungen bevor Sie fortfahren

Bei den Ausdrücken “addition”, “requested term” und “proposed LOINC” handelt es sich um Synonyme. Sie beziehen sich jeweils auf einen Ausdruck, der vom Anwender erstellt und dem *Regenstrief Institute* übermittelt wird oder bereits wurde, damit hier entschieden werden kann, ob dieser Ausdruck als eine Ergänzung der LOINC-Datenbank berücksichtigt werden kann oder nicht.

Beachten Sie bitte, dass eine Methodenbezeichnung bei chemischen Tests möglichst vermieden werden sollte. Anfragen für methodenspezifische Chemietests werden i. d. R. nicht angenommen, denn es gibt nur ganz besondere Umstände, bei denen wir Analysemethoden in Chemietests differenzieren. Auch wenn wir den Methodentyp in der Mikrobiologie, der Serologie und der Gerinnung aufnehmen, erfolgt keine Differenzierung für jede Methodenvariante. Bitte lesen sie im Textteil des vorliegenden Dokumentes nach, wie wir die Unterscheidungen vornehmen.

Wenn Sie in der Datenbank eine Laborwertbezeichnung antreffen sollten, von dem Sie meinen, dass er falsch ist, schreiben Sie uns bitte oder senden Sie uns ein E-Mail an (loinc@regenstrief.org) unter Bezugnahme auf den Begriff, und erläutern Sie uns den Grund, warum Sie ihn für falsch erachten (beispielsweise wenn Ihrer Meinung nach nicht die Standard-Nomenklatur verwendet wurde, ein Schreibfehler vorliegt, wenn Serum im System verwendet wurde, obwohl der Test mit Plasma durchgeführt wird, wenn Sie doppelte Konzepte in der Datenbank antreffen, etc.). Anmerkungen von Anwendern sind uns stets willkommen.

Beachten Sie bitte weiterhin, dass wir grundsätzlich sowohl methoden-unspezifische (keine Methode) als auch methoden-spezifische Tests im Bereich Serologie (Antikörper- und Antigenbestimmungen) und Antibiotika-Empfindlichkeiten zulassen.

Ein besonderes Augenmerk ist auf Anträge zu legen, bei denen im System ausschließlich Serum oder Plasma enthalten ist. Bei den meisten chemischen Analysen ergibt sich in klinischem Sinn kein großer Unterschied, ob es sich nun um Werte aus Serum oder Plasma handelt. Wir drücken sie in der Datenbank mit SER/PLAS aus, um unsererseits der geringen Differenzierungsbedeutung Rechnung zu tragen. Leider kommt es bei Anfragen nach neuen Ausdrücken oft vor, dass Angaben entweder ausschließlich zu Plasma oder Serum gemacht werden. Uns ist aber nicht bekannt, ob sie tatsächlich sowohl für das eine wie für das andere gelten könnten. Meistens können sie als SER/PLAS im System (Probe) verstanden werden. Sollte allerdings der Fall eintreten, dass eine Messung definitiv nur an einem dieser Systeme vorgenommen werden kann, bitten wir dies in der Anfrage konkret zu begründen; andernfalls verzögert sich die Bearbeitung Ihres Antrages.

Sollte Ihre Anfrage einen grundsätzlich anderen Test enthalten, der in wesentlich Aspekten von unseren derzeitig vorgenommenen Tests abweicht, senden Sie uns bitte eine vollständige Beschreibung des Tests und machen Angaben zum Testzweck und auch zur Testdurchführung. (Eine Kopie der Unterlagen vom Test-Hersteller, eine Kopie der Durchführungsbeschreibung oder auch Angaben zum Testgegenstand sind hier sehr hilfreich). Da wir in Diskussionen des Komitees entscheiden, wie solche neuen Fragestellungen aufgenommen werden sollen, kann in derart gelagerten Fällen die Bearbeitungszeit etwas länger dauern.

Antragsteller sollten weiterhin deutlich machen, dass sie mit dem Umgang der Datenbank vertraut sind und sich sicher sind, dass der beantragte Begriff nicht bereits in LOINC vorhanden ist. Der größte Anteil unseres zeitlichen Aufwandes besteht hauptsächlich darin sicherzustellen, dass der beantragte Ausdruck tatsächlich noch nicht in der Datenbank enthalten ist. Wir könnten diese Dienstleistung weiterhin verbessern, wenn derartige Arbeiten seitens der Antragsteller in großen Teilen selbst durchgeführt würden. Wir bitten Sie daher um Angabe des LOINC-Ausdruckes, der ihrem Beantragten am ähnlichsten ist und um die Verdeutlichung des Unterschiedes zwischen dem beantragten und dem bereits vorhandenen Begriff. Wenn ein

neues Untersuchungskonzept nur eine geringfügige Abweichung zu einem bereits vorhandenen Begriff beinhaltet, so nehmen Sie den vorhandenen Ausdruck als Vorlage, tauschen den entsprechenden Teil aus und weisen auf die Abweichung hin.

Beispielantrag und die Erstellung einer Antrags-Datei
Nachstehend sehen sie einen Beispielantrag, der sich aus Platzgründen auf Spalten für die ersten Datenfelder beschränkt. Tatsächliche Anträge enthalten Spalten für alle Punkte aus den Tabellen 28. Weitere Angaben finden Sie in den Unterkapiteln zur Erstellung von Access-Datenbanken und Excel-Vorlagen, die ebenso in dem vorliegenden Anhang erläutert werden.

Tabelle 27: Beispiel-Antrag

Zeile #	Ihr Test-ID	Analyt / Komponente	Eigen-schaft	Zeit	System	Skala	Methode	Klassifi-zierung	Be-zug	Etc
1	G23	Glucose^90M post 50g lactose PO	MCnc	T	Urine	Ord	Test strip	CHAL		
2	C47	Coproporphyrin 1 isomer	MRat	24H	Urine	Qn		CHEM		
3	I98	Indican	MRat	24H	Urine	Qn		CHEM		
4	T51	Thyroxine.free	MCnc	PT	Urine					

Die nachstehende Tabelle umfasst eine Beschreibung der Datenfelder für eine Datei submit.mdb bei Verwendung der Software RELMA. Diese Felder müssen in einer Antragsdatei an das *Regenstrief Institute* zwar enthalten sein, allerdings ist es möglich, dass nur einige Felder – wie unten aufgeführt – belegt sind.

Tabelle 28: MS Access Datenfeldnamen für Anträge

Position #	Feldname	Daten-Typ	Feldgröße (Zeichen)	Beschreibung
1	S_ROW	LONG	4	Zeilennummer des Begriffes in der übermittelten Antragsdatei (Row number of this term in submitter's file).
2	S_LOCAL_CD	TEXT	50	Lokaler Kode des Antragstellers zur Identifizierung des Test/der Untersuchung in der Masterdatei des Antragstellers (The submitter's local code used to identify the test/observation in the submitter's master file).
3	S_COMPO	TEXT	150	Analyte / Komponente des Antragstellers. Vorgeschrieben Angabe. (Handbuch Kapitel 2.2) (Submitter's Analytes/Component. Mandatory. (User Guide 2.2))
4	S_PROP	TEXT	30	"Art der Eigenschaft" des Antragstellers. Vorgeschriebene Angabe – wenn Sie genügend Angaben machen, können wir hierbei behilflich sein. (Handbuch Kapitel 2.3) (Submitter's Kind of Property. Mandatory – but we can help if you provide enough details. (User Guide 23)

Position #	Feldname	Daten-Typ	Feldgröße (Zeichen)	Beschreibung
5	S_TIME	TEXT	15	Zeitangaben des Antragstellers. Vorgeschrieben Angabe (Handbuch 2.4) (Submitter's Time Aspect. Mandatory. (User Guide 2.4))
6	S_SYS	TEXT	100	System-/Proben-Typ des Antragstellers. Vorgeschriebene Angabe (Handbuch 2.5) (Submitter's System/Sample Type. Mandatory. (User Guide 2.5))
7	S_SCALE	TEXT	30	Typ der Skala des Antragstellers. Vorgeschriebene Angabe (Handbuch 2.6) (Submitter's Type of Scale. Mandatory. (User Guide 2.6))
8	S_METH	TEXT	50	Methoden-Typ des Antragstellers, falls erforderlich (Handbuch 2.7) (Submitter's Type of Method. If required. (User Guide 2.7))
9	S_REL_NAM	TEXT	254	Bezugsnamen des Antragstellers. Dringendst empfohlen. Allgemeine Bezeichnungen, Akronyme oder Synonyme. (Submitter's Related Names. Strongly recommended. Common names, acronyms or synonyms.)
10	S_LOINC	TEXT	10	LOINC-Nummer des Antragstellers. Dringendst empfohlen. Es handelt sich um eine bereits existierende LOINC-Nummer, die der Antragsteller als dem neuen Test am ähnlichsten angibt. (Submitter's LOINC number. Strongly recommended. This is the LOINC number that is similar, but not the same as, the submitter's test.
11	S_RESULTS	Memo	-	Beispielergebnisse des Antragstellers. Dringendst empfohlen und zwar wie sie in Ihrem Labor dokumentiert werden. (Submitter's Example Results. Strongly recommended. As reported by your lab.)
12	S_UNITS	TEXT	30	Beispiel-Einheiten des Antragstellers. Dringendst empfohlen und zwar wie sie in Ihrem Labor dokumentiert werden. (Submitter's Example Units. Strongly recommended. As reported by your lab.)
13	S_SPECIES	TEXT	20	Für Anträge aus dem Bereich Tiermedizin. (To be used for veterinary term submissions.)
14	S_ID	TEXT	50	Falls der Antragsteller einen Referenzcode-ID für jeden eindeutigen Antrag an LOINC vorsieht, ist dieser ID hier aufzuführen. Er wird zur Rückmeldung bei Fragen oder der Übermittlung der Dateien mit neu aufgenommenen LOINC-Kodes eingesetzt.) (If the submitter includes a reference code ID for each unique submission to LOINC, record that ID here, and this will be returned with questions or an assigned LOINC number on a returned file)
15	S_COMMENT	TEXT	254	Anmerkungen, die der Antragsteller unter Umständen dem Regenstrief Institute mitteilen möchte. (Comments the submitter may wish to pass to RI when needed.)
16	BLANK1	TEXT	50	Platzhalter. Nicht belegen. (Placeholder. Do not use)
17	BLANK2	TEXT	20	Platzhalter. Nicht belegen. (Placeholder. Do not Use)
18	RI_REF	TEXT	50	Zukünftig nutzbar

Tabelle 28b: Daten, die durch Regenstrief eingefügt werden (freibleibend im Antrag)

Position #	Feldname	Daten-Typ	Feldgröße (Zeichen)	Beschreibung
19	LOINC	TEXT	10	Der dem beantragten Konzept zugeordnete LOINC-Kode. Es kann sich um einen neuen Code oder einen bereits vorhandenen Code handeln. (Assigned LOINC code for submitted concept. This may be a new code or a pre-existing code.)
20	RI_ACTION	TEXT	30	Regenstrief Status/Verlaufskode: DONE: Begriff angenommen und neuer Code zugeordnet DUP: der beantragte Begriff ist in der LOINC-Datenbank bereits vorhanden IDUP: Der Antragsteller beantragte den gleichen Begriff doppelt (interne Doppelbelegung) INFO: Weitere Information vom Antragsteller sind erforderlich HOLD: Der Antrag bezieht sich auf einen bisher nicht bearbeiteten Bereich (Regenstrief Action Code: DONE – term accepted and new code assigned DUP – submitted term already exists in LOINC database IDUP – submitter submitted same term twice (internal duplicate) INFO – more information needed from submitter HOLD – submission is area not currently being considered)
21	RI_COMMENT	TEXT	250	Kommentare / Fragen des RI (Regenstrief Institute) an den Antragsteller. (RI's comments/questions to submitter.)
22	R_COMPO	TEXT	150	Vom RI geprüfte Analyt-/Komponenten-Version des Antragsstellers (RI's revised version of submitter's analyte/component)
23	R_PROP	TEXT	30	Vom RI geprüfte Version der "Art der Eigenschaft" des Antragstellers (RI's revised version of submitter's kind of property)
24	R_TIME	TEXT	15	Vom RI geprüfte Version der Zeitangaben des Antragstellers (RI´s revised version of submitter's time aspect)
36	R_SYS	TEXT	100	Vom RI geprüfte Version des System-Typs / Probentyps des Antragstellers. (RI's revised version of submitter's system/sample type)
26	R_SCALE	TEXT	30	Vom RI geprüfte Version des Skalen-Typs des Antragstellers (RI's revised version of submitter's type of scale)
25	R_METH	TEXT	50	Vom RI geprüfte Version des Methodentyps des Antragstellers (RI's revised version of submitter's type of method)

Position #	Feldname	Daten-Typ	Feldgröße (Zeichen)	Beschreibung
28	R_REL_NAM	TEXT	254	Vom RI geprüfte Version der Bezugsnamen des Antragstellers (RI's revised version of submitter's related names)
29	R_RESULTS	Memo	-	Vom RI geprüfte Version der Ergebnisse des Antragstellers (RI's revised version of submitter's results)
30	R_UNITS	TEXT	30	Vom RI geprüfte Version der Beispieleinheiten des Antragstellers (RI's revised version of submitter's example units)
31	R_SPECIES	TEXT	20	Vom RI geprüfte Version der Proben/Speziesangaben des Antragstellers. (RI's revised version of submitter's species)
32	R_CLASS	TEXT	20	Vom RI geprüfte Version der Klasseneinteilung (RI's revised version of class)
33	L_COMPO	TEXT	150	Formaler LOINC-Name für Analyte / Komponenten, nach LOINC-Nummern Zuordnung. (Formal LOINC name for analyte/component if LOINC number assigned)
34	L_PROP	TEXT	30	Offizieller LOINC-Name für die "Art der Eigenschaft", nach LOINC-Nummern Zuordnung. (Formal LOINC name for kind of property if LOINC number assigned)
35	L_TIME	TEXT	15	Offizieller LOINC-Name für Zeitangaben, nach LOINC-Nummern Zuordnung. (Formal LOINC name for time aspect if LOINC number assigned)
36	L_SYS	TEXT	100	Offizieller LOINC-Name für System- / Proben-Typ, nach LOINC-Nummern Zurodnung. (Formal LOINC name for system/sample type if LOINC number assigned)
37	L_SCALE	TEXT	30	Offizieller LOINC-Name für den Skalen-Typ, nach LOINC-Nummern Zuordnung. (Formal LOINC name for type of scale if LOINC number assigned)
38	L_METH	TEXT	50	Offizieller LOINC-Name für den Methodentyp, nach LOINC-Nummern Zuordnung. (Formal LOINC name for type of method if LOINC number assigned)
39	L_REL_NAM	TEXT	254	Offizieller LOINC-Name für Bezugsnamen (Formal LOINC name for related names)
40	L_RESULTS	Memo	-	Offizieller LOINC-Name für Ergebnisse (Formal LOINC name for results)
41	L_UNITS	TEXT	30	Offizieller LOINC-Name für Beispieleinheiten (Formal LOINC name for example units)
42	L_SPECIES	TEXT	20	Offizieller LOINC-Name für Proben (Formal LOINC name for species)
43	L_CLASS	TEXT	20	Offizieller LOINC-Name für die Klassifizierung, nach LOINC-Nummern-Zuordnung. (Formal LOINC name for class if LOINC number assigned)
44	STATUS	TEXT	20	Status (Regenstrief's Status for submitted term)

Position #	Feldname	Daten-Typ	Feldgröße (Zeichen)	Beschreibung
45	ID	TEXT	20	Interne Regenstrief-ID-Zuordnung der Datei des Antragstellers. (Interne Informationen zu Pfad- und Dateinamen) (Regenstrief internally assigned ID for the submitter's file. (Internal path and filename information.))
46	COMMENT	TEXT	250	Regenstrief´s automatische Anmerkungen zu dem beantragten Begriff, z.B. innere Widersprüche oder automatische Äquivalenzen (beispiesweise bei Serum im Vergleich zu SER/PLAS). (Regenstrief's automated comments about the submitted term. These identify internal contradictions, automated equivalencing (e.g. serum to SER/PLAS)).
47	UNIQ	TEXT	150	Eine Auflistung von Teilmengen oder Ähnlichkeiten bei den neu beantragten Begriffen. Sie wird nur als Überblick über den Antragsablauf erstellt und hat eine untergeordnete Bedeutung. (These are lists of subsets or near matches for submitted terms. These are produced only to assist the submission review process and should not be given too much credence).
48	DUPS	TEXT	150	Eine Auflistung von Teilmengen oder Ähnlichkeiten bei den neu beantragten Begriffen. Sie wird nur als Überblick über den Antragsablauf erstellt und hat eine untergeordnete Bedeutung. (These are lists of subsets or near matches for submitted terms. These are produced only to assist the submission review process and should not be given too much credence).
49	EDIT CTL	TEXT	10	Die Regenstrief Überwachung des Bearbeitungsvorgangs (Regenstrief's Edit Control)

Das Erstellen einer Anfrage mit Microsoft Access

Im Softwarepaket RELMA ist eine leere Microsoft Access 97 Datenbankvorlage (template) mit Namen SUBMIT.MDB vorhanden. In den oben aufgeführten Tabellen 28 bis 30 sind die Datenfelder für diese Datenbank erläutert. In der Folge müssen die ersten 15 Datenfelder der Tabelle 28 für jeden Teilbegriff der Anfrage gewissenhaft ausgefüllt werden. Untenstehende Abbildung 1 veranschaulicht eine Beispielanfrage unter Verwendung von Microsoft Access. Hier hat der Anwender die submit.mdb-Vorlage geöffnet und die ersten 15 Felder bearbeitet.

Das Standardverzeichnis(Installationspfad!) für diese Vorlage ist:

```
C:\Program Files\RELMA\submit.mdb
```

Beachten Sie, dass die Verzeichnisstruktur auf Ihrem Rechner unter Umständen anders ist. Das hängt davon ab, wie und vor allem wo bei Ihnen RELMA installiert wurde.

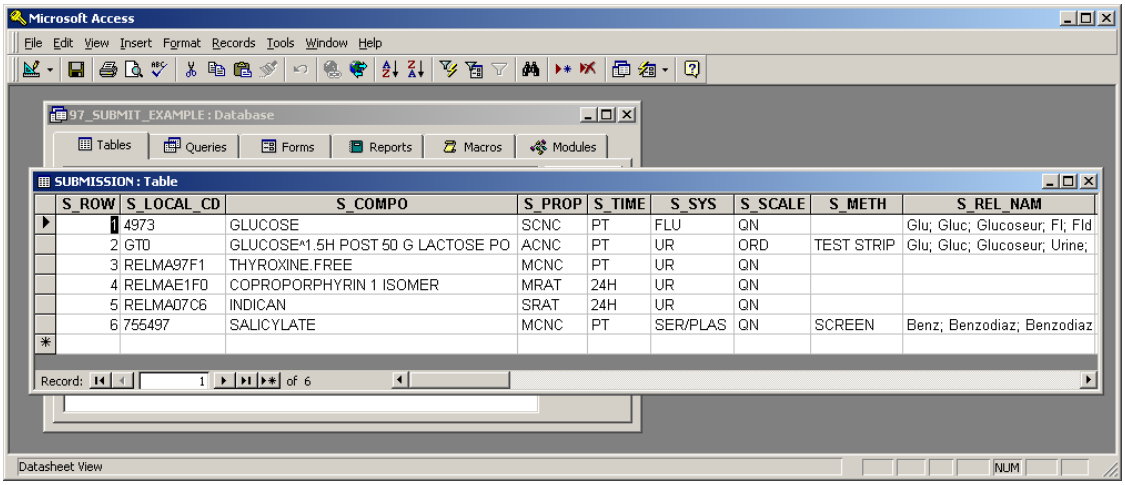
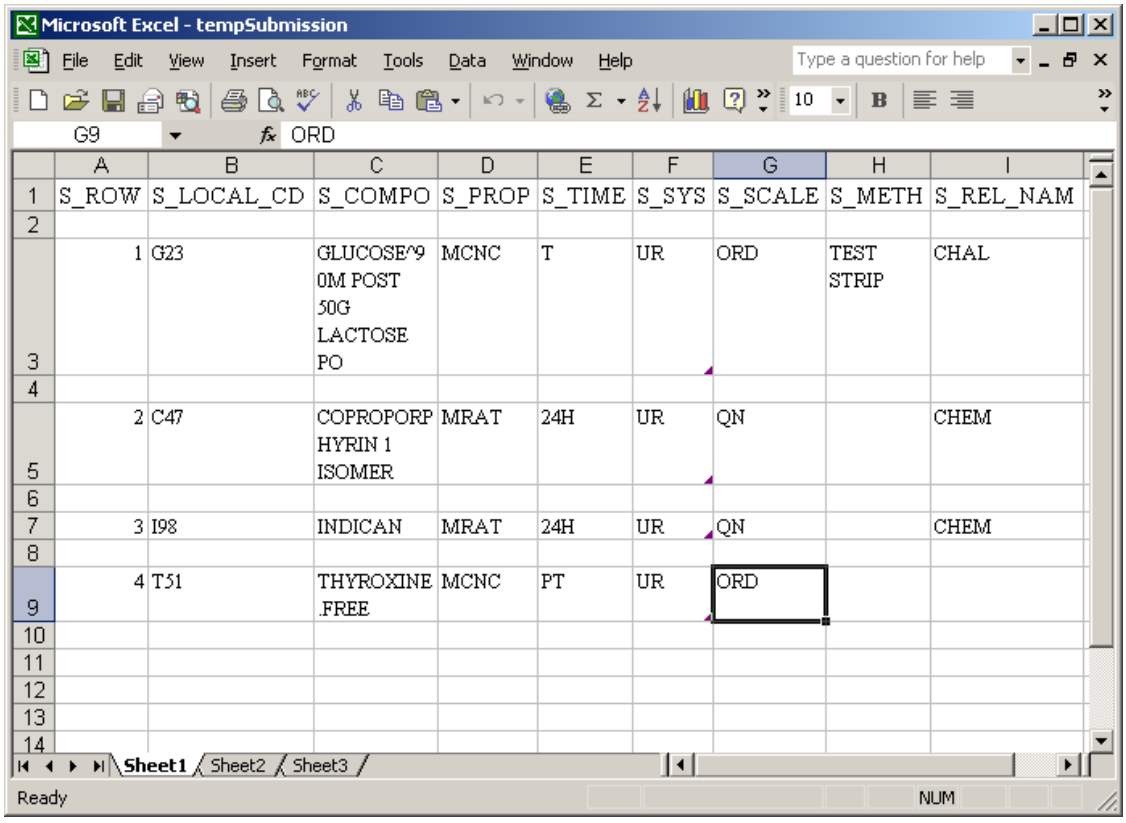

Microsoft Access
File Edit View Insert Format Records Tools Window Help
97_SUBMIT_EXAMPLE : Database
Tables
Queries
Forms
Reports
Macros
Modules
SUBMISSION : Table
S_ROW S_LOCAL_CD S_COMPO S_PROP S_TIME S_SYS S_SCALE S_METH S_REL_NAM
1 4973 GLUCOSE SCNC PT FLU QN Glu; Gluc; Glucoseur; Fl; Fld
2 GTO GLUCOSE^1.5H POST 50 G LACTOSE PO ACNC PT UR ORD TEST STRIP Glu; Gluc; Glucoseur; Urine;
3 RELMA97F1 THYROXINE.FREE MCNC PT UR QN
4 RELMAE1F0 COPROPORPHYRIN 1 ISOMER MRAT 24H UR QN
5 RELMA07C6 INDICAN SRAT 24H UR QN
6 755497 SALICYLATE MCNC PT SER/PLAS QN SCREEN Benz; Benzodiaz; Benzodiaz
Record: 1 of 6
Datasheet View
NUM

Abbildung 1: Beispielantrag mit Microsoft Access 97

Die Erstellung eines Antrages mit Microsoft Excel

Wenn Sie beim Erstellen eines Antrags auf Microsoft Excel zurückgreifen möchten, sind wiederum die exakten Datenfeldbezeichnungen aus den Tabellen 28 und 28 zu verwenden. Aus der untenstehenden Abbildung 2 können Sie entnehmen wie ein Excel-Antrag aussieht und wie er aufgebaut ist. Zu beachten sind dabei die Feldnamen sprich Spaltenüberschriften aus den Tabellen 28 und 28 für die erste Zeile.



	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	S_ROW	S_LOCAL_CD	S_COMPO	S_PROP	S_TIME	S_SYS	S_SCALE	S_METH	S_REL_NAM
2									
3	1	G23	GLUCOSE^90M POST 50G LACTOSE PO	MCNC	T	UR	ORD	TEST STRIP	CHAL
4									
5	2	C47	COPROPORPHYRIN 1 ISOMER	MRAT	24H	UR	QN		CHEM
6									
7	3	I98	INDICAN	MRAT	24H	UR	QN		CHEM
8									
9	4	T51	THYROXINE .FREE	MCNC	PT	UR	ORD		
10									
11									
12									
13									
14									

Abbildung 2: Beispiel für einen Excel-Antrag (nur die ersten 9 Datenfelder)

ACHTUNG: Bitte berücksichtigen Sie die in den Tabellen 28 und 28 angegebenen Feldgrößen! Nach Erhalt Ihres Antrages überführen wir ihn, gemäß der oben aufgeführten Tabellen 28 und 28 in eine Microsoft Access-Datenbank. Wenn Ihr Antrag in Form einer Excel-Datei zu viele Zeichen in den Zellen enthält, kann es bei der Überführung zu Informations- bzw. Datenverlusten kommen.
Erstellung eines Antrages mit einer ASCII Text-Datei wobei deren Inhalte(Datenwerte) über Tabulatoren getrennt sind.

Sollten Sie sich zur Antragserstellung für ein tabulatorbegrenzendes ASCII-Dateiformat entscheiden, ist folgende Schreibweise vorzunehmen:

S_ROW|S_LOCAL_CD|S_COMPO|S_PROP|S_TIME|S_SYS|S_SCALE|S_METH|S_REL_NAM|
S_LOINC|S_RESULTS|S_UNITS|S_ID|S_SPECIES|S_COMMENT<CRLF>

Alle Felder sind mit Tabs voneinander getrennt. Jeder oben aufgeführte vertikale Balken (**|**) stellt folglich ein Trennzeichen realisiert durch ein Tab-Zeichen dar (ASCII 9). Jedes Absatz-Zeichen oder jeder Zeilen-Umbruch (oben <CRLF>) kennzeichnet den Abschluss einer Zeile. Jede mit <CRLF> (Carriage Return / Line Feed = Zeilenvorschub) abgeschlossene Zeile im ASCII-Format kennzeichnet demnach einen Antragsdatensatz. Bitte beachten Sie, dass die Feldlängen aus den Tabellen 28 und 28 ebenso bei Übermittlung des Antrags als ASCII-Datei gelten. Überlängen werden abgeschnitten, denn nach dem Erhalt Ihres Antrages übertragen wir - wie oben beschrieben - die ASCII-Datei in eine Access-Datenbank.

Bei oben benanntem Beispiel sieht eine Zeile wie folgt aus:

1|G23|GLUCOSE^90m POST 50g LACTOSE PO|MCNC|PT|UR|ORD|TEST STRIP|||6762-9||MG/DL|||

Die vertikalen Balken symbolisieren das Tabulator- bzw. Trennzeichen. Beachten Sie bitte, dass zwischen “TEST STRIP” und “6762-9” zwei vertikale Balken stehen. Das bedeutet für dieses Beispiel, dass das Datenfeld für „Bezugsnamen“ leer ist (z. B. ein NULL-Wert). Weitere leere Felder sind demnach auch S_RESULTS, S_ID und S_COMMENT. Ohne Kennzeichnung der leeren Felder würden die sich daraus ergebenden Informationen untergehen und das hätte zur Folge, dass die Bezugsnamen in diesem Antrag als ähnlichste LOINC-Nummer verstanden würde (beispielsweise „6762-9“). Es ist also sehr wichtig, die Datenfelder korrekt anzuordnen und das Tab-Zeichen zur Abgrenzung der Felder einzusetzen. Auch wenn ggf. bestimmte Felder keinen Eintrag aufweisen.

Die unten stehende Abbildung 3 zeigt eine Beispiel-Dateiübertragung, bei die Tab-Zeichen für die vertikalen Balken – wie oben beschrieben – verwendet werden. Beachten Sie bitte, dass in der ersten Zeile die Datenfeldnamen aus den Tabellen 28 und 28 eingesetzt sind. Weiterhin ist zu berücksichtigen, dass die Tab-Zeichen nicht sichtbar sind (die darstellende Software Microsoft Wordpad interpretiert das Trennzeichen „**|“** durch eine feste Anzahl Leerzeichen) und der Text somit chaotisch wirkt (mit ein Grund dafür, dass wir die Desktop-Datenbank Microsoft Access für Antrags-Dateien empfehlen).

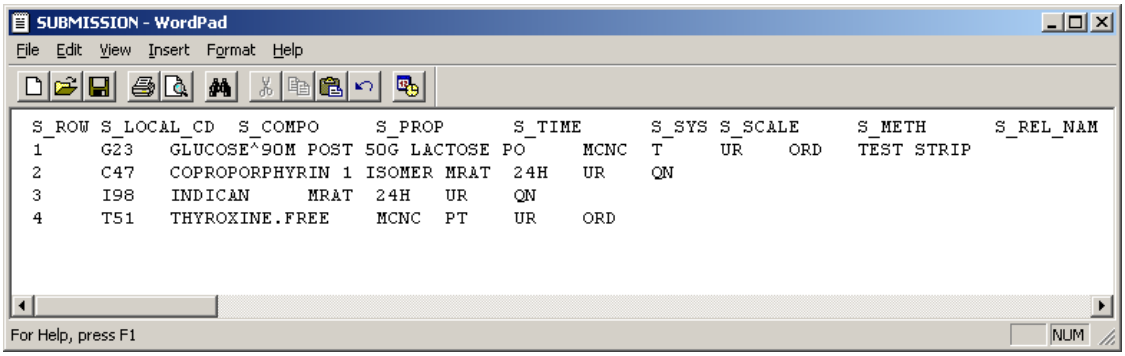

SUBMISSION - WordPad
File Edit View Insert Format Help
S_ROW S_LOCAL_CD S_COMPO S_PROP S_TIME S_SYS S_SCALE S_METH S_REL_NAM
1 G23 GLUCOSE^90M POST 50G LACTOSE PO MCNC T UR ORD TEST STRIP
2 C47 COPROPORPHYRIN 1 ISOMER MRAT 24H UR QN
3 I98 INDICAN MRAT 24H UR QN
4 T51 THYROXINE.FREE MCNC PT UR ORD
For Help, press F1
NUM

Abbildung 3: Beispiel-Antrag mit ASCII tabulatorbegrenzter Datei

Erstellung eines Antrages mit Hilfe von RELMA

Die Software RELMA ist eine gute Unterstützung bei der Erstellung von Anfragen. Hier entsprechen die Abläufe für den Aufbau, das Management und das Abspeichern von Anfragen den tatsächlichen lokalen Arbeitsabläufen. Mit RELMA können Anfragen zu neuen Begriffen in einem bestimmten Zeitraum zusammengetragen und anschließend in Chargen (gruppenweise) an Regenstrief verschickt werden. Das Programm erfasst automatisch den Erstellungszeitraum und den Versandzeitpunkt des Begriffes. Es unterstützt zudem die Begriffsgestaltung im Allgemeinen und ermöglicht eine automatische Zusammenstellung der Antrags-Dateien.

Da es für Ergänzungsanträge zwei Anfragearten gibt, stehen ebenso zwei Methoden zur Verfügung um selbige zu erstellen. Bei der ersten Methode trägt man zunächst aus einer Liste alle Teile des Ziel-Begriffs lose zusammen, bei der Zweiten geht man von einem bereits vorhandenen LOINC-Ausdruck aus, verändert einen (oder mehrere) Teile dieses Begriffs und erstellt auf diese Weise einen neuen, eindeutigen Begriff der in dieser Form in der LOINC-Datenbank noch nicht existiert hat. Wir empfehlen die zweite Methode: sie erspart dem Antragsteller Zeit (Sie müssen nicht mühselig jeden Bestandteil des Begriffes selbst suchen), und diese Methode treibt unter anderem auch das Gesamtprojekt voran, da sie zusätzliche Informationen zu den ersten sechs Namens-Teilen des beantragten Begriffes vermittelt.

Beginn mit einer Blanko-Vorlage

Bei der Begriffserstellung mit einer Blanko-Vorlage wählen sie “Vorschlag eines LOINC-Ausdruckes” (“propose a LOINC”) auf dem Willkommensbildschirm (Eingangsmaske). Falls sich schon oder nachdem sich die Mapping-Maske geöffnet hat, haben Sie die Wahl zwischen dem Datei-Menü oder dem Punkt „Propose LOINC“ (LOINC-Vorschlag), der sich unter dem leeren Ergebnis-Rasterfeld befindet (z. B. wenn keine LOINC-Ausdrücke im Raster vorhanden sind).

Vorgehensweise bei einem bereits vorhandenen LOINC-Ausdruck

Um einen vorhandenen LOINC-Ausdruck abzuändern, starten Sie zunächst von der Mapping-Maske aus. Nachdem Sie eine Suche abgeschlossen haben, markieren Sie einen LOINC-Ausdruck im Ergebnis-Feld. Wählen Sie nun die Option „Propose a LOINC“ (Vorschlag für einen LOINC-Ausdruck) aus dem Datei-Menü. Alternativ haben Sie neben dieser Möglichkeit, das Feld „Propose a LOINC“ direkt anzuklicken über/mit der rechten Maustaste diese Option in dem entsprechenden Pull-Down-Menü auszuwählen. Bitte entnehmen Sie weiter unten im Text zusätzliche Informationen zu der Frage „Vorschlag eines LOINC-Ausdruckes mit vorhandenen LOINC-Ausdrücken“.

Nachdem Sie eine der oben beschriebenen Vorgehensweisen ausgeführt haben, sollten Sie in etwa eine Form enthalten, die der Abbildung 4 entspricht.

Überblick über das „Propose LOINC-Formular“
Nach dem Öffnen des Fensters aus Abbildung 4, müssen die Daten in die Felder (linke Seite aus Sicht der Trennlinie) eingetragen werden. Das sind die Werte, die Ihr neuer Begriff enthalten sollte. Anmerkungen, die Änderungen oder eingegebene Werte erläutern, stehen rechts von der Trennlinie. Nachdem Sie Ihre Eingabe abgeschlossen haben, klicken Sie auf das Speichern-Symbol. Der vorgeschlagene Begriff ist nun auf ihrem Computer gespeichert und steht für eine spätere Versendung bereit.

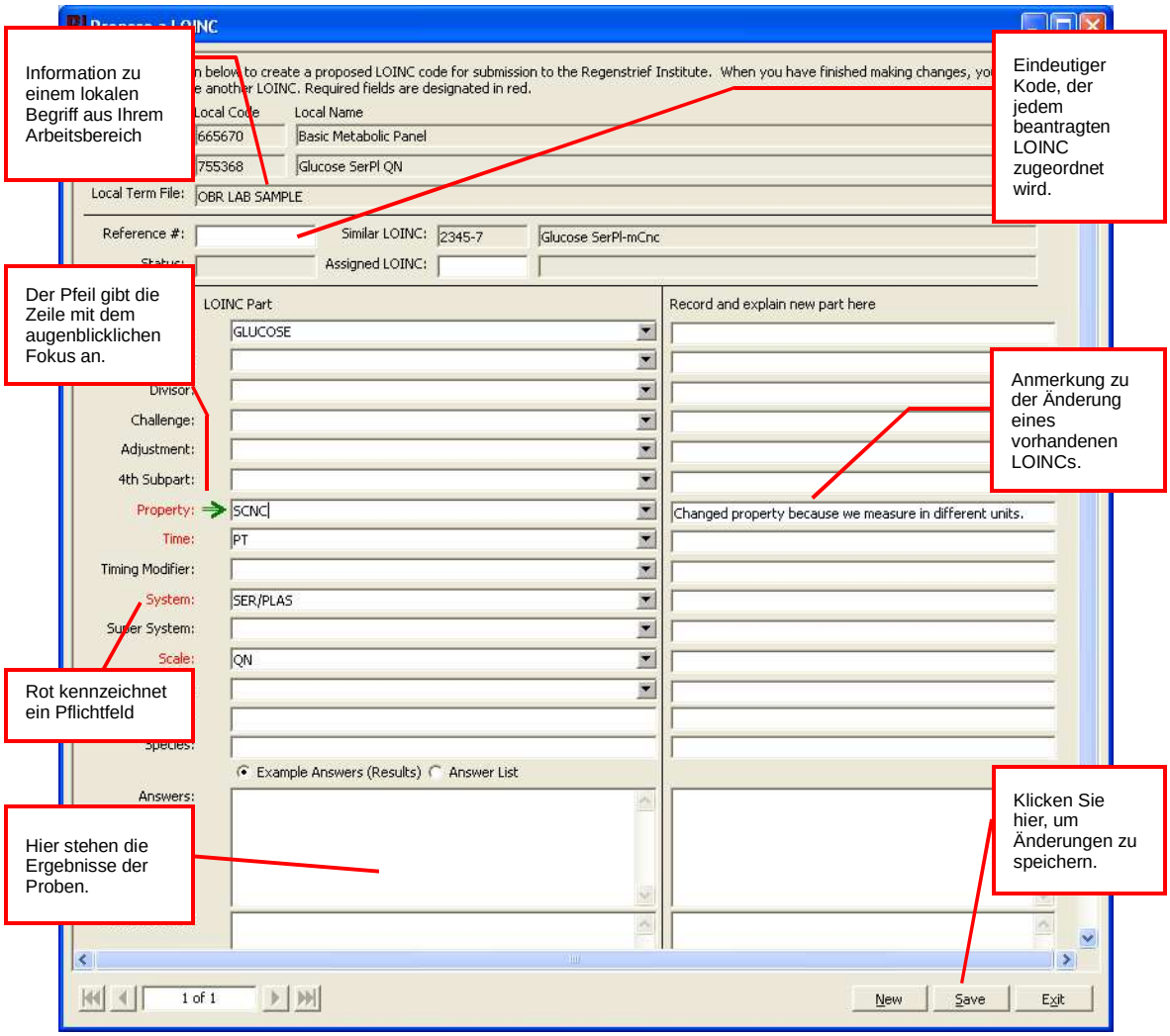


Abbildung 4: LOINC-Fenster zur Vorschlagserstellung

ACHTUNG: Die rot hervorgehobenen Felder sind – wie in den Tabellen 28 und 28 spezifiziert – für alle LOINC-Vorschläge vorgeschrieben. Wenn diese Pflichtfelder nicht ausgefüllt sind, kann ein beantragter Begriff nicht abgespeichert bzw. versandt werden.

Für die Eingabe eines weiteren LOINC-Kodes, klicken Sie auf den “New”-Button. Zum Einblick in die Ausdrücke, die Sie im Vorfeld erstellt haben, sind die linken und rechten Pfeil-Tasten im linken unteren Teil dieses Fensters zu verwenden. Zum Schließen des Fensters, wählen Sie die „Exit“-Funktion rechten unteren Teil dieses Programmfensters aus.

Weitere Details im Fenster des LOINC-Vorschlagsformulars
Die nachstehenden Angaben beschreiben einzelne Bereiche des LOINC-Vorschlags-Fensters. Jeder Unterpunkt behandelt einen bestimmten Bereich und erklärt, wie Daten in diesen Teil des Fenstersformulares eingegeben werden müssen.

Teilbereich für lokale Kodes

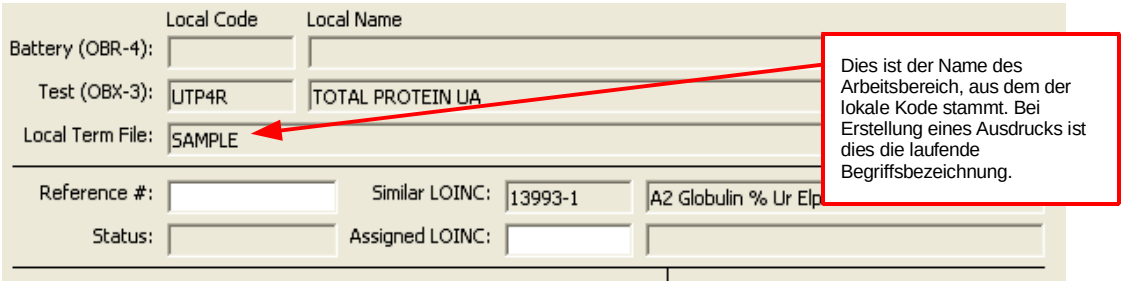


Abbildung 5: Teilbereich lokale Kodes

In dem Fensterbereich „Local Code Section“ stehen Angaben zu dem Arbeitsbereich, aus dem der beantragte Ausdruck stammt. Abbildung 6 zeigt, dass der Anwender keinen gültigen LOINC-Kode finden konnte, auf den er seinen lokalen Code 4973 (GLUCOSE FLD QN) für den HOSPITAL A Arbeitsbereich übertragen konnte. Folglich beantragte er eine solche Begrifflichkeit. Nach dem Öffnen des Fensters, wurde seine lokale Kode-Information in das LOINC-Vorschlags-Formular kopiert und diese mit dem vorgeschlagenem LOINC-Ausdruck zusammen verschickt. Wichtig ist es sicherzustellen, dass die Daten eines lokalen Kodes zu den beantragten Ausdrücken passen. Die Informationen, die sich aus einem lokalen Code ergeben, dienen dem Regenstrief Institut zum besseren Verständnis, warum und weshalb der neue Begriff ggf. benötigt wird.

Die Sektion/ das Datenfeld für den lokalen Code kann nicht editiert werden. Zur Bearbeitung eines solchen Kodes müssen Sie auf andere Teilbereiche und -funktionen der Software RELMA zurückgreifen.

ACHTUNG: Der Datenfeld für lokale Kodes enthält nur dann Inhalte, wenn der Anwender das LOINC-Vorschlags-Formular nach Erscheinen des Mapping-Bildschirmes öffnet und ein lokaler Code aus dem derzeitigen Arbeitsbereich auf dem Bildschirm erscheint. Wenn kein lokaler Code enthalten sein bzw. wenn der Anwender einen neuen LOINC-Kode vorschlägt, wird durch RELMA automatisch ein lokaler Kode der Form „RELMA####“ erzeugt. Das (#)-Zeichen symbolisiert hierbei entweder eine Nummer oder einen Buchstaben.

Die Sektion für den Nachweis eines ähnlichen LOINC-Kodes

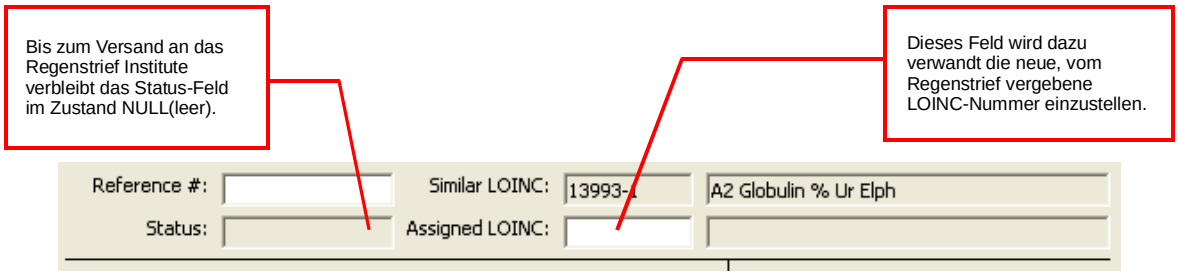

Bis zum Versand an das Regenstrief Institute verbleibt das Status-Feld im Zustand NULL(leer).
Dieses Feld wird dazu verwandt die neue, vom Regenstrief vergebene LOINC-Nummer einzustellen.
Reference #:
Status:
Similar LOINC:
13993-1
A2 Globulin % Ur Elph
Assigned LOINC:

Abbildung 6: Sektion für ähnliche LOINCs

In der Sektion für ähnliche LOINCs werden die LOINC-Nummer und der LOINC Kurzname, der am ehesten dem vorgeschlagenen Begriff entspricht, eingetragen. Da die LOINC-Datenbank eine Sammlung eindeutiger und einzigartiger Konzepte darstellen soll, ist eine exakte Abgrenzung der vorgeschlagenen Ausdrücke von den bereits vorhandenen Konzepten erforderlich. Bei der Beantragung eines artverwandten LOINC-Begriffs ist es für das Regenstrief Institut sehr hilfreich, wenn Sie sicherstellen, dass der neue Ausdruck ebenso eindeutig und einzigartig ist.

Ebenso wie das Datenfeld für *lokale Kodes* kann das Feld für *ähnliche Kodes* nicht editiert werden. Dieser Bereich des Mapping Screen wird zum Erstellungszeitpunkt des Ausdrucks mit Informationen ausgefüllt. Damit sichergestellt ist, dass diese Information tatsächlich kopiert wurde, muss der Anwender sich vergewissern, dass zuvor ein vorhandener LOINC-Kode im Ergebnisfeld des Suchfensters markiert ist, bevor im nächsten Schritt ein LOINC-Kode vorgeschlagen wird. Die erforderliche Vorgehensweise ist ausführlicher im weiter hinten folgenden Kapitel „Vorschlag eines LOINC-Begriffs auf Basis eines vorhandenen Ausdruckes“ dargestellt.

Die Referenz-Nummer
In der obigen Abbildung 6, links von der Information zu ähnlichen LOINC’s, sehen Sie ein Datenfeld mit der Bezeichnung „Reference#“. Hier können Sie für jeden angeforderten Ausdruck eine eindeutige Referenz-Nummer vergeben. Diese Nummer wird zusammen mit dem dazugehörigen zusammengestellten und vorgeschlagenen Ausdruck an das Regenstrief Institute versandt. Das Regenstrief Institut kann in jeder anfallenden Korrespondenz mit Ihnen auf diese ausdrucksspezifische Nummer in Ihrer Anfrage zurückgreifen. Nachdem Ihr Antrag bearbeitet wurde, werden die beantragten Ausdrücke ebenfalls unter Referenzierung auf diese Nummer an Sie zurückgeschickt.

Das Status-Datenfeld
Sowohl in Abbildung 4 als auch in Abbildung 6 ist noch ein Datenfeld mit der Bezeichnung Status enthalten. Sein Inhalt informiert den Anwender darüber, dass der Begriff eingereicht und mit welchem Datum die Anfrage versandt wurde. Es besteht generell die Möglichkeit Ausdrücke wiederholt einzureichen, wovon wir aber abraten.

ACHTUNG: Nach dem Versenden, ist es nicht mehr möglich, einen eingereichten Ausdruck zu editieren. Wenn Sie einen bereits eingereichten Ausdruckes abändern, dann wird automatisch ein neue Begrifflichkeit erzeugt.

Auch wenn diese Einschränkung verwirrend klingt, so stellt sie doch sicher, dass ein gegebenenfalls zweifach eingereichter Vorschlag nicht als Duplikat eines früher schon vorgeschlagenen Begriffes betrachtet wird.

Das Datenfeld für vergebene und zugeordnete LOINC-Kodes
Ebenso hervorgehoben in Abbildung 6 ist das Feld für vergebene LOINC-Bezeichnungen. Nachdem die Ausdrücke dem Regenstrief Institut zugesandt wurden, erhält der Antragsteller üblicherweise eine Antwort in Form der Rücksendung seines Antrags mit Anmerkungen, Einträgen und den vergebenen/zugewiesenen LOINC-Nummern. Diese Nummern repräsentieren nun die neu erstellten Begriffe, basierend auf den Begriffen, die vom Anwender verwandt und beantragt wurden. Nachdem die Auftragsdatei zurückgesandt wurde, ist es ist es dem Anwender über dieses Feld gleichfalls möglich, die so zugeordneten LOINC-Nummern zu speichern.

Nachdem die LOINC-Nummer vom Anwender eingegeben wurde, versucht RELMA diesem Ausdruck einen Kurznamen zu geben. Ist dieser bereits angelegt, erscheint er im Datenfeld rechts von der vergebenen LOINC-Nummer. Es kann vorkommen, dass das Programm Schwierigkeiten hat, den Kurznamen zu finden da die Anwender das ganze Jahr über neue Begriffe einreichen, die LOINC-Datenbank hingegen nur einige Male im Jahr aktualisiert und ergänzt wird.

Die Einzelbestandteile eines vorgeschlagenen LOINC-Ausdrucks
Jeder LOINC-Kode besteht aus mehreren Teilen. Zur Ergänzung oder Erweiterung der LOINC-Datenbank müssen die Einzelkomponenten der neuen Begriffe vollständig spezifiziert sein. In der linken Spalte mit dem Namen „LOINC Part“ sind Datenfelder für die verschiedenen Bestandteile des LOINC-Ausdruckes vorgesehen. Eine Beschreibung und Beispiele für diese Komponenten erhalten Sie durch einen Mausklick auf die Textbox (die rechteckige Box ganz rechts, mit einem nach unten zeigenden Pfeil). Zusätzliche Informationen und Anmerkungen sind dem LOINC-Benutzerhandbuch zu entnehmen.

ACHTUNG: In rot unterlegten Datenfeldern muss Text eingegeben werden. Diese Notwendigkeit ist in den Tabellen 28 und 28 spezifiziert.

Die Textboxen dort agieren wie standardisierte Bedienelemente von Windows und in der Tat sind sie diesen Pulldown-Elementen sehr ähnlich. Eine Reihe dieser Textboxen enthält allerdings LOINC-Hierarchien, so dass sie in Ihrer Funktionsweise geringfügig von denen bei RELMA oder der anderer Windows-Programmen abweichen.

Mit der TAB-Taste können sie die Textboxen einzeln ansteuern, ähnlich wie bei anderen Windows-Programmen. Beim Drücken auf die RETURN-(ENTER)Taste wird dennoch ein etwas abweichender Vorgang ausgelöst. Anstatt zur nächsten Textbox zu springen löst man mit der Returntaste einen Suchvorgang nach dem Text aus, der in die Textbox eingegeben wurde, aus. Ist der Text gefunden, erscheint auf dem Bildschirm eine Liste mit Wörtern und Sätzen wo dieser Suchinhalt vorgefunden wurde. Mit den Bedienelementen “Nach unten” bzw. “Nach oben” (“pull down” oder “pull up”) kann dies – wie in den Abbildungen 6 und 7 gezeigt – ausgeführt werden.

Durch Verwendung der Bedienelemente “Nach unten” oder “Nach oben” kann mit einem Klick der linken Maustaste eines der dort aufgeführten Suchergebnisse ausgesucht werden, d. h. ein Suchergebnis kann mit einem Mausklick selektiert wird. Der damit verbundene LOINC-Wert wird damit in die Textbox kopiert, genau an der Stelle wo vormals der Text eingegeben wurde. **Ein direktes Klicken auf Items oder Hierarchien ohne vorherige Suche ist ebenso**

möglich. Unter Umständen erhält man einen LOINC-Begriff, der von dem im “Nach unten” bzw. “Nach oben” Bereich gefundenen Begriff abweicht. Dieser Effekt kann deswegen auftreten weil in der LOINC-Datenbank eben auch Abkürzungen und Synonyme verwendet wurden. Die nachfolgende Abbildung 8 illustriert, dass das Wort „Blood“ in der System-Hierarchie markiert wurde. Daraufhin wurde der Text „BLD“ in den Systemteil der Textbox für den vorgeschlagenen LOINC-Kode kopiert.

ACHTUNG: Sucht der Anwender Blut in der Systemhierarchie, kann er entweder “bld” oder “blood” eingeben. Die System-Textbox ermittelt zwar für beide Möglichkeiten jeweils nicht die identische Menge an Suchergebnissen, aber beide Alternativen beziehen sich bei der Suche auf das System Blut. Da Synonyme folglich nicht immer das gewünschte Ergebnis hervorbringen, sollte ein Anwender es immer über mehrere Suchbegriffe versuchen, um dann den Begriff zu finden, der für seinen Antrags-Begriff benötigt wird.

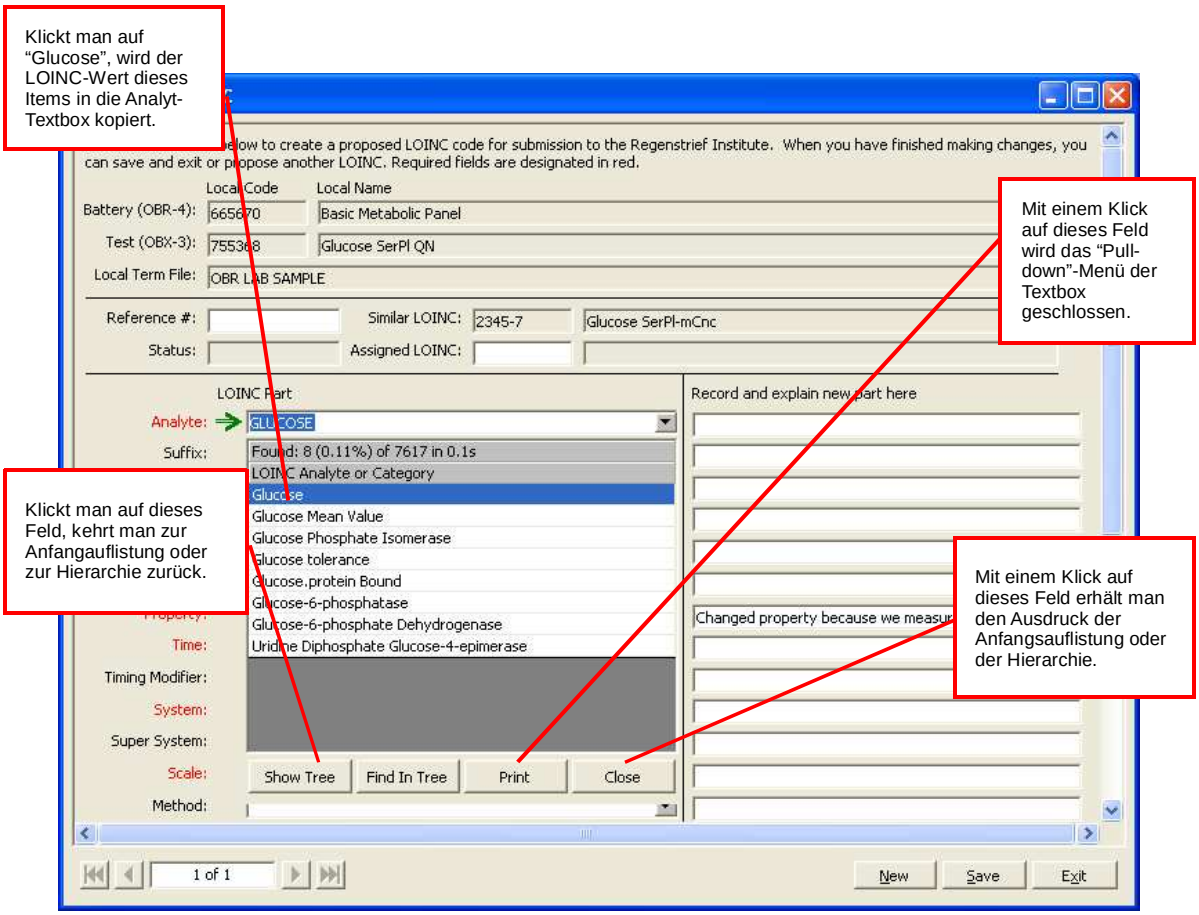


Abbildung 7: Fenster „Vorschlag LOINC-Kode“
mit geöffnetem „Pulldown“-Menü der Analyt-Textbox.

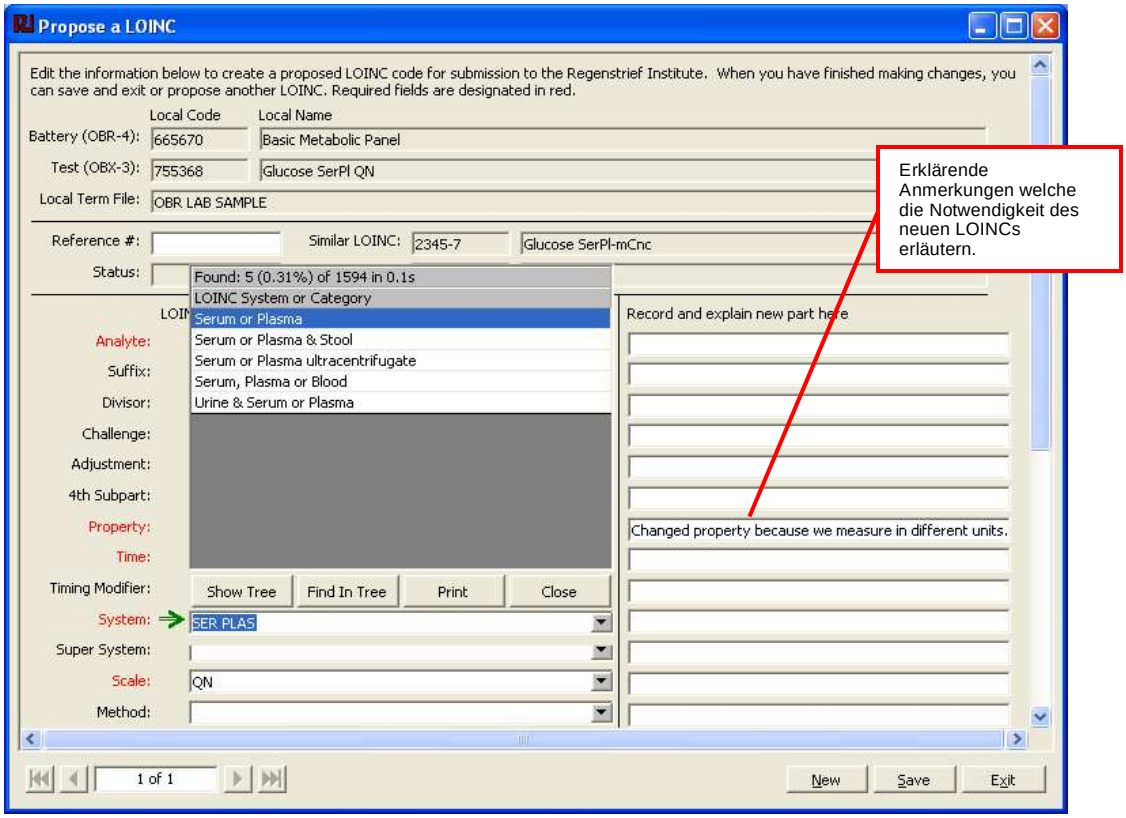


Abbildung 8: LOINC-Vorschlagsfenster mit
einem geschlossenen “Pull-up”-Menü der Textbox.

Zusätzliche Anmerkungen

Die zusätzlichen Anmerkungen sind zwar nicht verpflichtend aber werden dringend empfohlen. Diese Anmerkungen dienen den Mitarbeitern des Regenstrief Institutes bei der Bearbeitung der eingehenden Anfragen zum besseren Verständnis warum Ihre Einrichtung den oder die übermittelten Begrifflichkeiten benötigt. Sie sind insbesondere dann wichtig, wenn Sie neue Bestandteile beantragen (neue Eigenschaften, neue Systeme, usw.). Das Regenstrief Institute muss die Definition und Grundlage der neuen Bestandteile verstehen können und sicherstellen, dass es nicht nur um Synonyme für bereits vorhandene Begriffe handelt. Sollten unsere Mitarbeiter Ihre Anfrage nicht nachvollziehen können, kann sich die Bearbeitung Ihrer Anfrage verzögern, da zunächst nach Definitionen gesucht und anschließend mit Ihnen Verbindung aufgenommen werden muss. Indem Sie uns Anmerkungen zur Verfügung stellen, unterstützen Sie die Bearbeitung Ihrer beantragten Begriffe nicht unerheblich.

Beispiel Antworten (für Ergebnisse) und Antwort-Listen

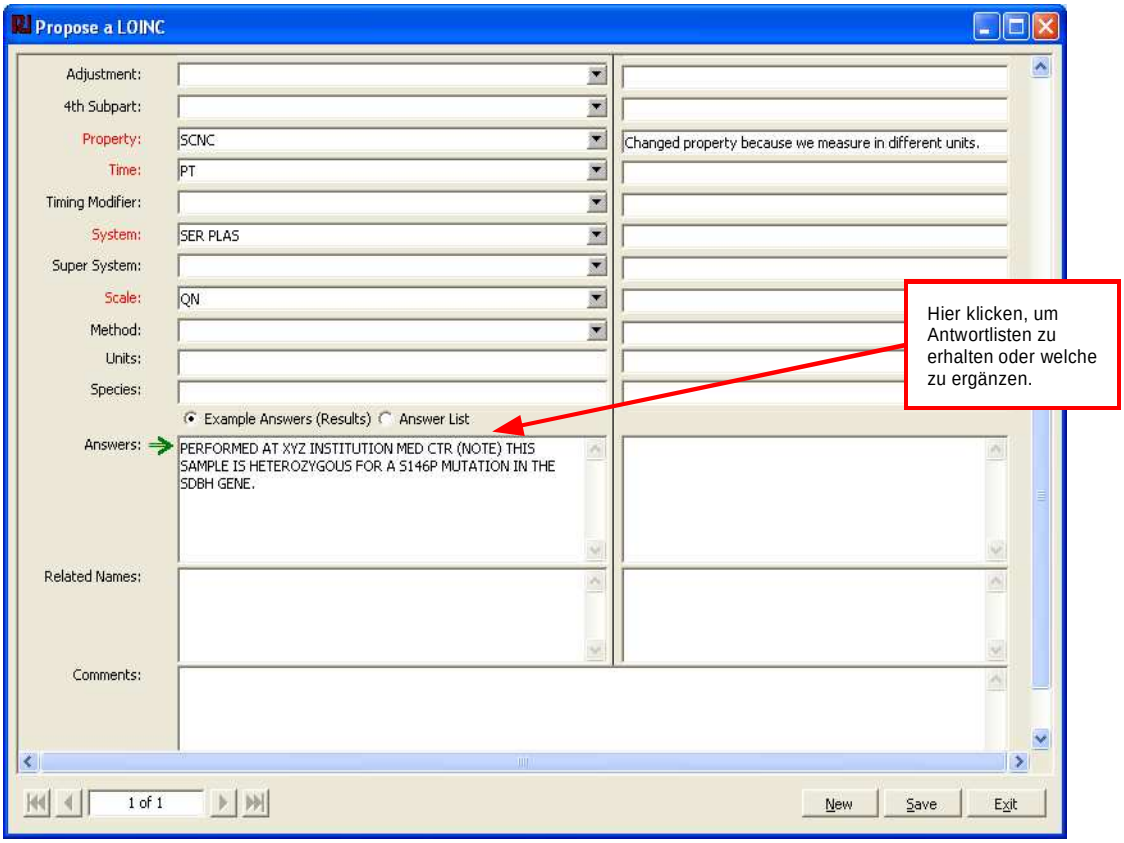


Abbildung 9: Beispiel Antworten (Test-Ergebnisse)

Da zusätzliche Informationen für das Regenstrief Institut zum besseren Verständnis Ihrer Anfrage sehr wichtig sind, sind Beispielantworten oder Probenergebnisse zur Darstellung des Inhalts und den erwarteten Testresultaten möglich. Sie können ausgehend von einer kurzen Beschreibung (siehe Abbildung oben) bis hin zu einem langen Textblock z.B. aus einer HL7-Nachricht alles einfügen. Für diejenigen, die Anfragen bearbeiten und bewerten, ist jede Information und jeder Hinweis hilfreich.

ACHTUNG: Beim Einbezug von HL7-Nachrichten zur Darstellung der Testresultate ist der patientenbezogene Datenanteil zu entfernen.

Unter Umständen enthalten Ihre Tests Ergebnisse aus Antwortenlisten, die durch Ihr EDV-System definiert wurden. Die Angabe dieser gelisteten Antworten ist ebenso sinnvoll wie das Einfügen von HL7-Nachrichten als Proben-Ergebnisse. Unser Fenster verfügt über einen Mechanismus zum Abgleich von Antwortenlisten. Klickt man auf das runde Feld „Answer-List“ in Abbildung 9, kann man eine Antwortenliste bestimmen. Es folgt ein neues Datenblatt und die darin enthaltene „Pull-down“-Textbox zeigt die möglichen Antwortenlisten. Weiterhin gibt es eine Option für „New Answer List“. Klicken Sie dieses Symbol an, erhalten Sie das Datenblatt aus der Abbildung 11.

Geben Sie die Daten für die neue Antwortenliste ein und klicken Sie anschließend auf „Save/ Exit“. Es erscheint wieder das Fenster „Vorschlag eines LOINC“ und von nun ab ist die neu definierte Antwortenliste für den beantragten Begriff selektierbar.

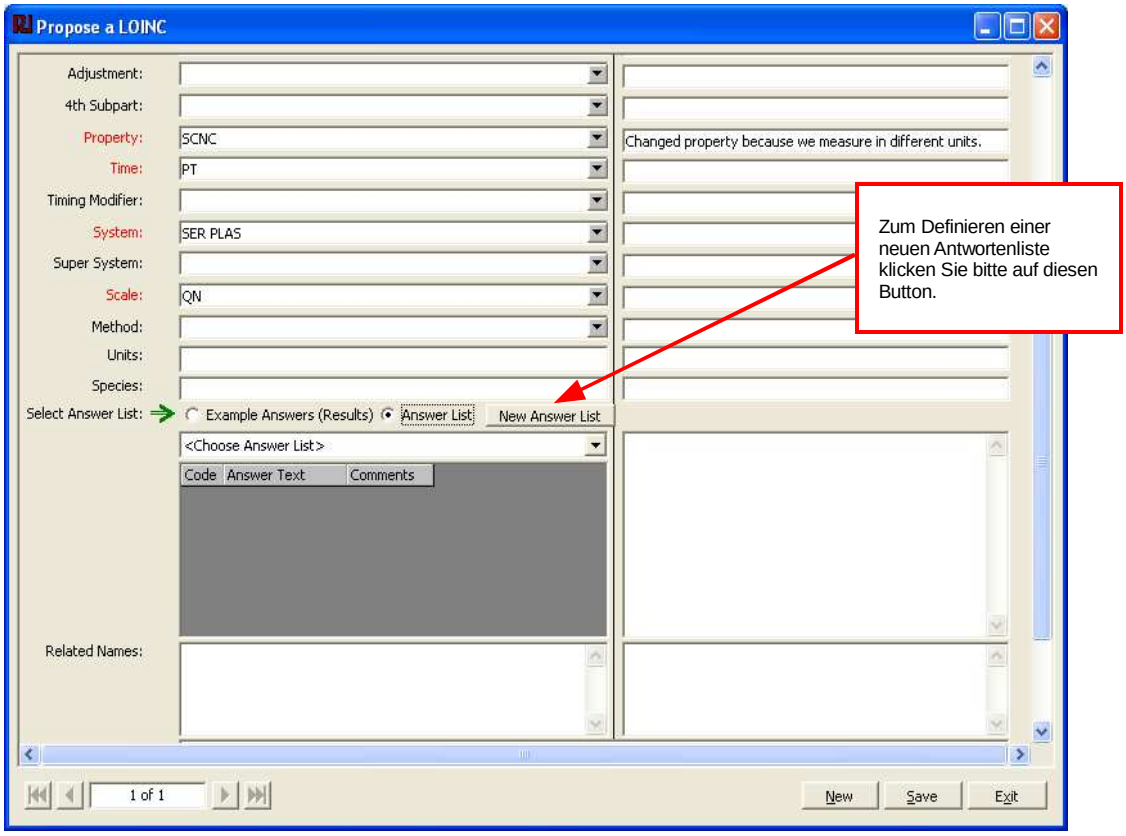


Abbildung 10: Der Dialog bei Antwortenlisten

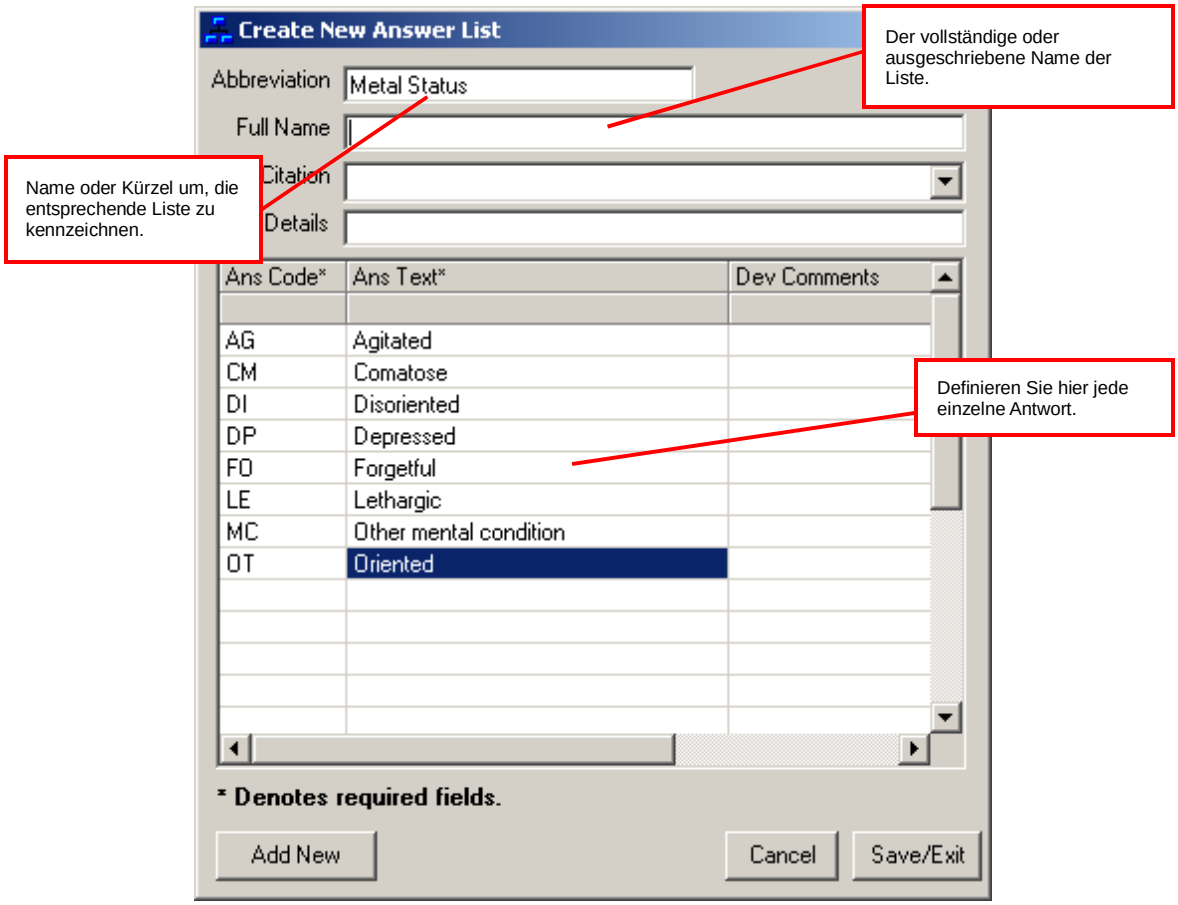


Abbildung 11: Definition einer neuen Antworten-Liste

Vorschlag für einen LOINC-Kode anhand eines vorhandenen LOINC's

Wird zum Editieren eines neuen LOINC-Bezeichners ein bereits vorhandener Ausdruck als Vorlage verwendet, ist zunächst das Mapping-Fenster zu öffnen. Anhand dieser Mapping-Maske beginnt man mit der Suche nach dem LOINC-Begriff, der dem zu beantragenden Ausdruck am ähnlichsten ist. Dieser naheliegenste Ausdruck wird hervorgehoben, indem man zunächst die linke Maustaste betätigt und anschließend die Option „Propose LOINC" aufruft. Die unten aufgeführte Abbildung veranschaulicht hierfür ein Beispiel

Schritt 1. - Gezielte Suche mit der Mapping-Maske
Schritt 2. - Hervorheben des LOINC-Ausdrucks, der dem zu beantragenden Begriff am ähnlichsten ist
Schritt 3. - Anklicken der „Propose LOINC"-Funktion um den Begriff zu beantragen

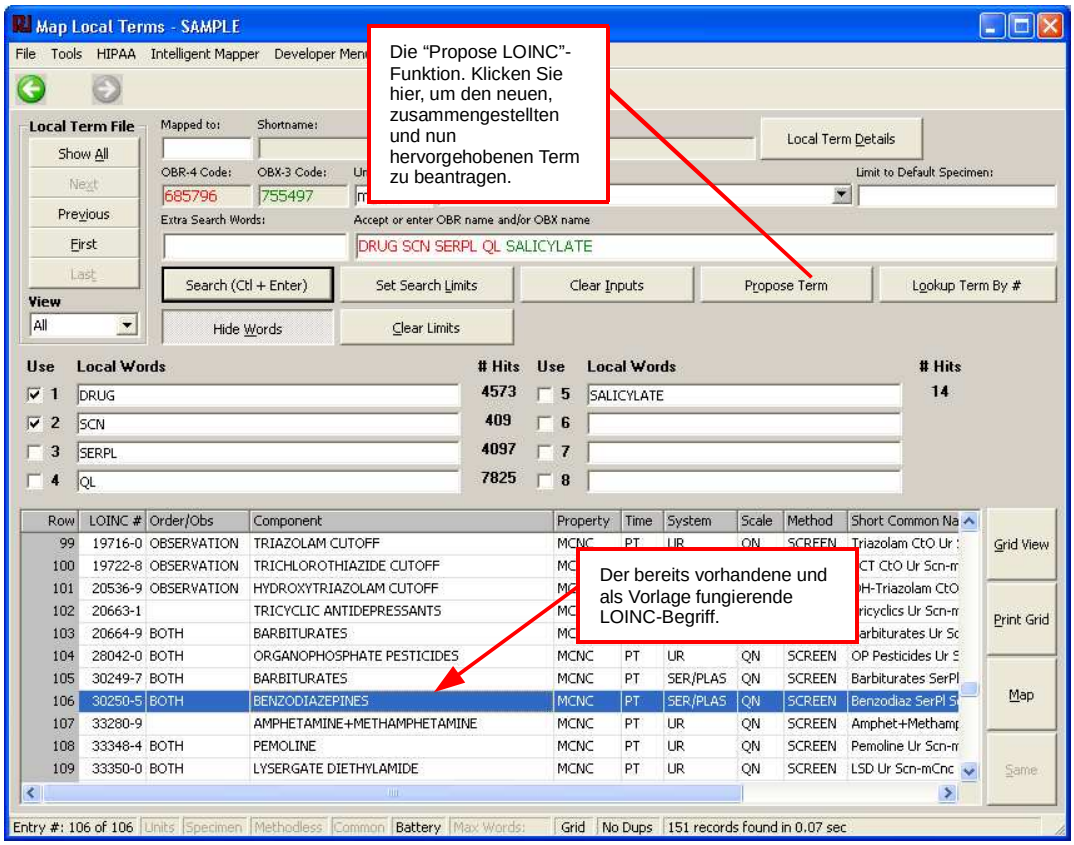

Map Local Terms - SAMPLE
File Tools HIPAA Intelligent Mapper Developer Menu
Die "Propose LOINC"-Funktion. Klicken Sie hier, um den neuen, zusammengestellten und nun hervorgehobenen Term zu beantragen.
Local Term File
Show All
Next
Previous
First
Last
View
All
Mapped to:
Shortname:
Local Term Details
OBR-4 Code:
OBX-3 Code:
685796
755497
Limit to Default Specimen:
Extra Search Words:
Accept or enter OBR name and/or OBX name
DRUG SCN SERPL QL SALICYLATE
Search (Ctl + Enter)
Set Search Limits
Clear Inputs
Propose Term
Lookup Term By #
Hide Words
Clear Limits
Use Local Words # Hits
1 DRUG 4573
2 SCN 409
3 SERPL 4097
4 QL 7825
5 SALICYLATE 14
6
7
8
Row LOINC # Order/Obs Component Property Time System Scale Method Short Common Na
99 19716-0 OBSERVATION TRIAZOLAM CUTOFF MCNC PT UR QN SCREEN Triazolam CtO Ur
100 19722-8 OBSERVATION TRICHLOROTHIAZIDE CUTOFF
101 20536-9 OBSERVATION HYDROXYTRIAZOLAM CUTOFF
102 20663-1 TRICYCLIC ANTIDEPRESSANTS
103 20664-9 BOTH BARBITURATES
104 28042-0 BOTH ORGANOPHOSPHATE PESTICIDES MCNC PT UR QN SCREEN OP Pesticides Ur S
105 30249-7 BOTH BARBITURATES MCNC PT SER/PLAS QN SCREEN Barbiturates SerPl
106 30250-5 BOTH BENZODIAZEPINES MCNC PT SER/PLAS QN SCREEN Benzodiaz SerPl S
107 33280-9 AMPHETAMINE+METHAMPHETAMINE MCNC PT UR QN SCREEN Amphet+Methamp
108 33348-4 BOTH PEMOLINE MCNC PT UR QN SCREEN Pemoline Ur Scn-m
109 33350-0 BOTH LYSERGATE DIETHYLAMIDE MCNC PT UR QN SCREEN LSD Ur Scn-mCnc
Der bereits vorhandene und als Vorlage fungierende LOINC-Begriff.
Grid View
Print Grid
Map
Same
Entry #: 106 of 106 Units Specimen Methodless Common Battery Max Words: Grid No Dups 151 records found in 0.07 sec

Abbildung 12: Hervorhebung der vorhandenen Begriffs, bevor ein neuer beantragt wird.

In dem obigen Beispiel wurde eine gezielte Suche zum Übertragen des lokalen Begriffs auf einen LOINC-Kode durchgeführt (SALICYLATE SERPL QN). Diese Suche ergab kein Ergebnis. Obwohl es viele Wirkstoff-Screenings gibt, so ist offensichtlich keinerlei LOINC-Begriff für das Screening eines Salicylatwirkstoffs verfügbar. Man selektiert folglich den am nächsten kommenden Ausdruck aus dem Ergebnisfenster (30250-5) und klickt anschließend auf die „Propose LOINC"-Funktion. Der Anwender erhält daraufhin das in Abbildung 13 dargestellte Fenster.

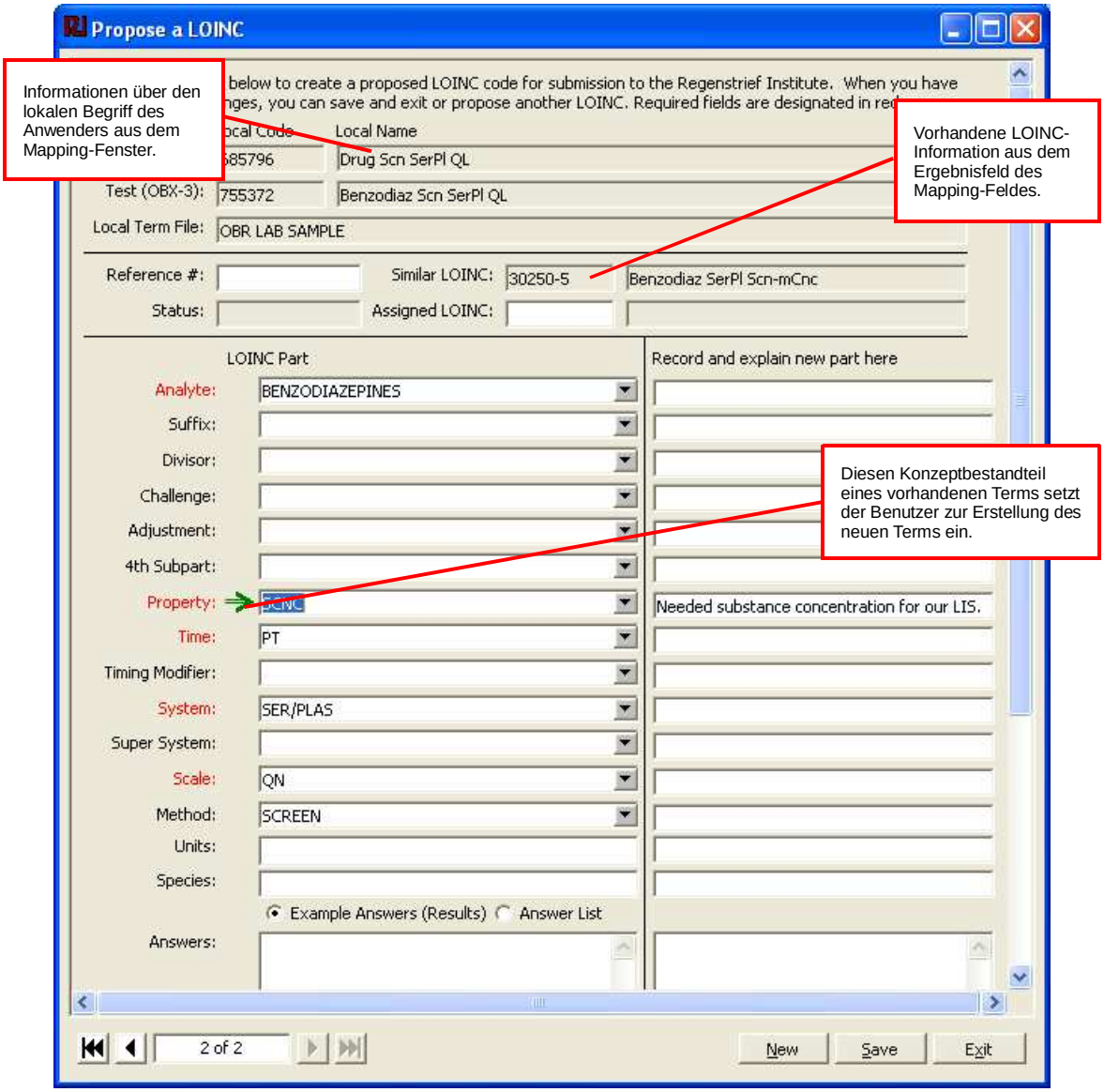


Abbildung 13: Vorschlag eines neuen LOINC auf der Grundlage eines vorhandenen LOINC

Nach dem Auslösen der “Propose LOINC” – Funktion öffnet sich das “Propose LOINC”-Fenster und die Daten aus dem Mapping-Fenster sind automatisch in die diversen Sektionen des Datenblattes eingefügt. Nun müssen der Bestandteil bzw. die Bestandteile des vorhandenen Begriffes eingegeben werden. Damit kann der Anwender ein neues, eindeutiges Konzept, das er beantragen möchte, erstellen.

Überprüfung der Antrags-Begriffe mit RELMA

Nachdem Sie ein oder mehrere LOINC's unter Berücksichtigung der oben aufgeführten Methoden und Verfahrensweise eingegeben haben, möchten Sie ggf. die so erstellten Antrags-Konzepte in Vorbereitung zu ihrer Versendung noch einmal überprüfen. Hierfür wählt man die Funktion „Review Proposed LOINCs“ aus dem Datei-Menü des Programms entweder im Anfangsfenster oder im Mapping Screen und erhält ein neues Arbeitsfenster, das in etwa der unten stehenden Abbildung 14 entspricht:

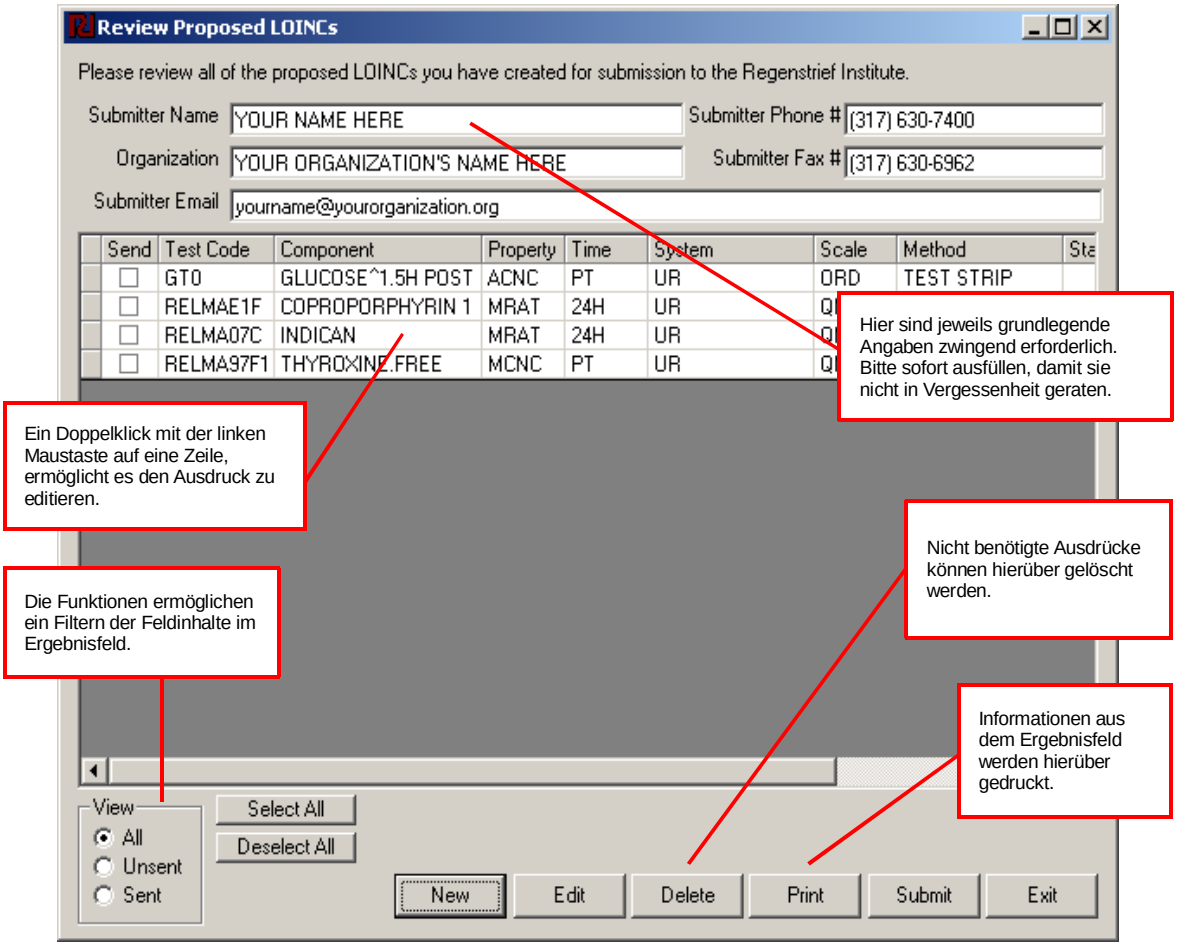


Abbildung 14: Überprüfungs-Fenster für vorgeschlagene LOINC's

Bevor Sie Ihre Vorschlags-LOINCs absenden, müssen Sie Ihren Namen, die Einrichtung, bei der Sie beschäftigt sind, Ihre Kontaktangaben (Tel., Fax und Email) angeben. Falls erforderlich, werden sich die Mitarbeiter des Regenstrief Instituts mit Ihnen in Verbindung setzen. Diese Angaben müssen nur einmal eingegeben werden und werden anschließend jedes Mal, wenn Sie die Software RELMA aufrufen und nutzen, automatisch ausgefüllt. Daher ist es empfehlenswert, diese Angaben bereits bei der ersten Nutzung der Software mit aufzunehmen.

Sofern sie die oben beschriebenen Regeln dieses Handbuches befolgt haben, befinden Sie sich in der Mitte des Fensters im so genannten Eingaberaster die Schlüsselteile des von Ihnen erstellten Ausdrucks

Die Spalte mit dem Namen „Send“ (Versenden) enthält eine Checkbox. Diese Checkbox können Sie zur Selektierung jener Ausdrücke nutzen, die beantragt werden und dem Regenstrief Institut zugesendet werden sollen. In der Spalte „Test Code“ steht der lokale Code aus Ihrem Systemumfeld, der als Vorlage für den vorgeschlagenen Code betrachtet wird. Manche Kodes führen den Präfix „RELMA“ und das deutet darauf hin, dass sie durch das die Software RELMA erstellt wurden, d. h. wenn keine diesbezüglich lokale Information verfügbar war (beispielsweise wenn Sie Ihre Anfrage vollständig eigenständig gestaltet haben und keinerlei Begriffe aus dem Mapping Screen benutzt bzw. aufgerufen werden konnten). In den angrenzenden Tabellen-Spalten stehen die sechs Bestandteile des vorgeschlagenen LOINC-Namens. Diese Datenfelder dienen unter anderem auch der Unterscheidung, wenn Sie eine größere Anzahl neuer Ausdrücke erstellen. Ob ein Ausdruck bereits übermittelt wurde oder noch nicht, kann mit den letzten Tabellen-Spalten kenntlich gemacht werden.

Selbstverständlich besteht ebenso die Möglichkeit, innerhalb der Tabelle in mittleren Datengrid eine Selektion nach übermittelten und nicht übermittelten Begriffen vorzunehmen, in dem man links unten im Programmfenster die gewünschte „View“-Funktion aktiviert.

Die eigenhändige Zusammenstellung eines neuen LOINC-Ausdrucks startet man über die „New“-Funktion. Soll ein bereits beantragter Ausdruck überarbeitet werden, ist er zunächst in der Tabelle mit der linken Maustaste zu markieren und mit dem Befehl „Edit“ zu bearbeiten. Durch Markieren und „Delete“ ist es jederzeit weiterhin möglich, einen oder mehrere LOINC-Ausdrücke zu löschen. Mit „Print“ können die aktuelle Inhalte dieser Tabelle gedruckt werden. Über die Funktionsweise des Befehl „Submit“ informieren Sie sich bitte gemäß der untenstehenden Anweisungen. Mit „Exit“ schließen Sie das geöffnete Fenster und kehren entweder zum Anfangsfenster beziehungsweise zum Mapping Screen zurück.

Das Einreichen einer Vorlage mit RELMA
Nachdem Sie einen neuen LOINC-Begriff nach der oben in diesem Anhang beschriebenen Vorgehensweise erstellt und abschließend überprüft haben, kann er nun über dem untenstehendem Verfahren eingereicht werden. Man wählt ihn aus, klickt auf die „Submit“-Funktion und schickt diesen über die Software RELMA erstellten Begriff dem Personal des Regenstrief Instituts entweder per Email oder auf dem normalen Postweg zu.

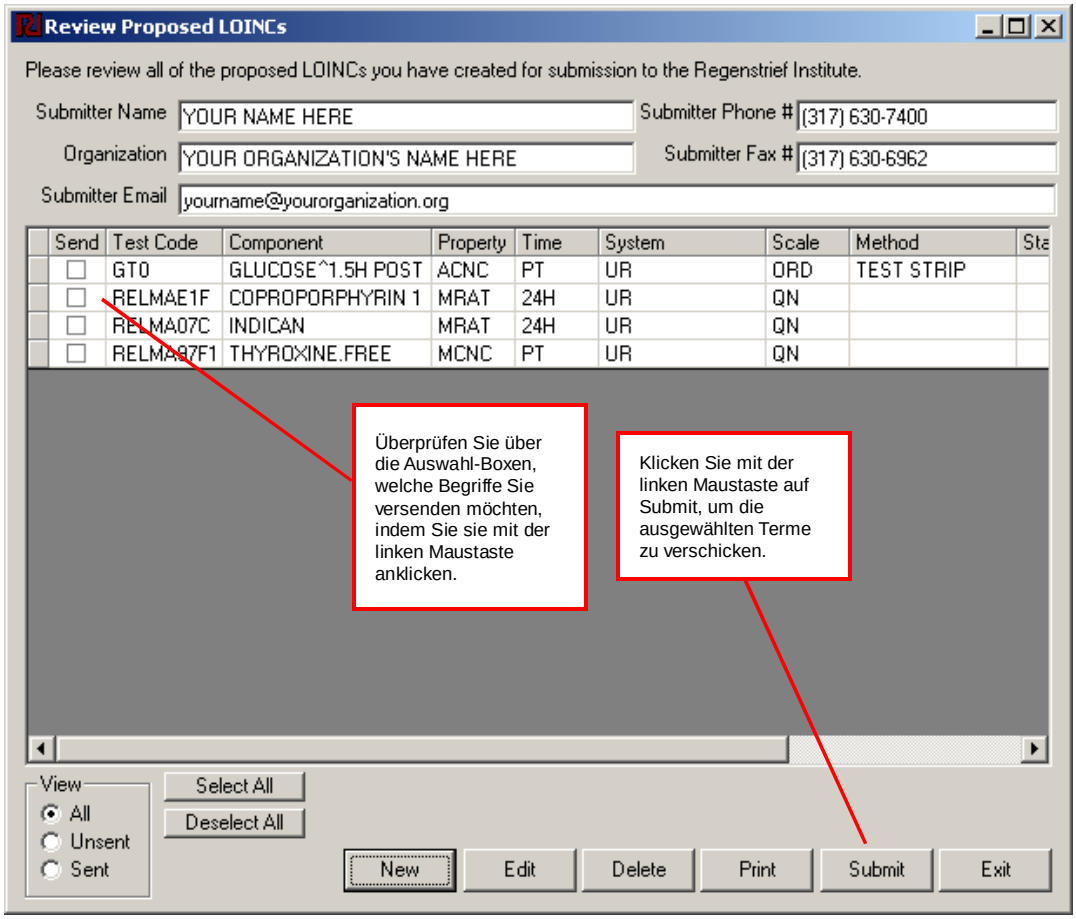


Abbildung 15: Auswahl der LOINC-Begriffe, die versendet werden sollen.

1. Auswahl der Begriffe (beantragte LOINC-Datensätze), die versendet werden sollen. Mit der linken Maustaste kennzeichnen Sie in der Spalte „Send“ die entsprechenden Begriffe an. Um alle Begriffe zu selektieren, die noch nicht verschickt wurden, wählt man die Funktion „Select All“ unter der Tabelle auf der linken Seite. Um diese Gesamtauswahl aufzuheben wählt man die entsprechende Funktion „Deselect All“, die sich ebenfalls links unterhalb der Tabelle befindet. Bereits übermittelte Begriffe haben den Status „SENT“ (gesendet). Bei der Auswahl von Begriffen ist besondere Vorsicht geboten. Generell besteht die Möglichkeit, einen Begriff mehrfach zu versenden, wobei dies aus oben genannten Gründen nicht sonderlich empfehlenswert ist. Umfangreiche Sendungen, mit Begriffen die bereits beantragt wurden, können den Prozess der Übertragung ausbremsen.

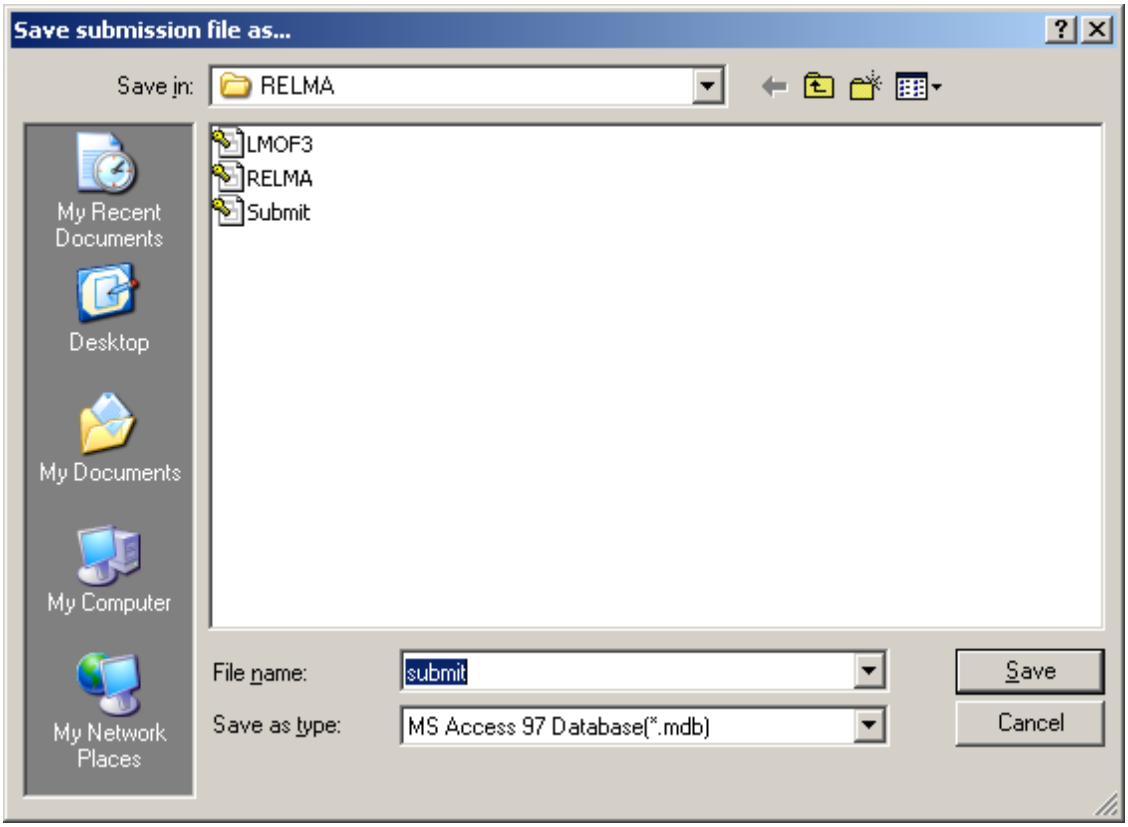


Abbildung 16: Windows Standard Dialogfenster für LOINC-Versanddateien

2. Nachdem Sie die Versand-Begriffe ausgewählt haben, klicken Sie auf die“Submit”-Funktion. Das nachfolgende Windows-Dialogfenster (siehe Abbildung 16), fordert Sie auf, Ihre Versanddatei zu eindeutig zu benennen und sie am entsprechenden Ort (Programmverzeichnis) auf ihrer Festplatte abzuspeichern. **Merken Sie sich bitte den Namen und das Programmverzeichnis/den Ort dieser Datei**. In der Regel lautet das Verzeichnis “C:\ProgramFiles\RELMA\submit.mdb”. Nach der Angabe des Namens und wie die Datei gespeichert wurde, betätigen sie die „Save“-Funktion und speichern Ihre Datei.

Submission File Message
RELMA has finished exporting the requested LOINCs selected to C:\Program Files\RELMA\submit2.mdb
Please email the file to kmercer@regenstrief.org
OK

Abbildung 17: Mitteilung von RELMA nach Erstellung der Versand-Datei

3. RELMA erstellt nun mit dem von Ihnen gewählten Namen und im entsprechenden Programmverzeichnis eine Versanddatei welche wiederum ihre selektierten und vorgeschlagenen LOINC-Begriffe enthält. Dieser Vorgang dauert eine kleine Weile, insbesondere wenn Sie mehrere Begriffe erstellt und eingestellt haben. Nach der endgültigen Abspeicherung der Datei, erscheint das in Abbildung 17 aufgeführte RELMA Hinweisfenster. Diese Meldung fordert Sie nun wiederum auf, als abschließenden Arbeitsschritt die Datei über Email an kmercer@regenstrief.org (E-Mail: Kathy **MERCER**) zu versenden. Sollten Sie keine Email-Versandmöglichkeit haben, kopieren Sie die Datei auf eine CD oder eine Diskette und schicken diese uns auf dem normalen Postweg an:

   Kathy Mercer
   Regenstrief Institute, RG5
   1050 Wishard Blvd.
   Indianapolis, IN 46202

Innerhalb ein bis zwei Tagen nach Eingang Ihrer Datei erhalten Sie ein Bestätigungs-Mail und das Antragsprocedere nimmt seinen Lauf. Sofern unsererseits weitere Informationen benötigt werden, setzt sich *das Regenstrief Institut* mit Ihnen in Verbindung. Mit dem Abschluss Ihrer Anfrage erhalten Sie Ihre Datei mit zusätzlichen Datenfeldern.

Anhang F – Beispiele für die Abstimmung der Eigenschaften
1.) Gehalt (Content CNT). Wie Konzentration, außer dass das *Volumen* im Nenner durch die *Masse* ersetzt wird. Erweiternd:

Ccnt	Katalytischer Gehalt, katalytische Aktivität, katalytische Aktivität einer Komponente pro Masseneinheit einer Probe (System) **24048-1| Alpha galactosidase:CCnt:PT:Fib:Qn**
MCnt	Masse Gehalt, Masse der Komponente pro Masseneinheit einer Probe (System) **9435-9|Isopropanol:MCnt:PT:Tiss:Qn** **8157-0| Arsenic:MCnt:PT:Nail:Qn**

Achtung: Alle Schwermetall-Messungen für Haare, Nägel und Gewebe sollten in Form von Angaben zum Massengehalts erfolgen.

NCnt	Zählung Masse, Anzahl der Komponenten Einheiten pro Massen-Einheit einer Probe (System) **20711-2|Coliform bacteria:NCnt:PT:Egg:Qn:Viability count**

2.) Anteile (Fraction [FR]). Anteil Komponente A in einer Gruppe von Einheiten B, C, Y, N im System 1.

Ergänzend:

CFr	Katalytischer Anteil **2536-1|Lactate dehydrogenase 1/Lactate dehydrogenase.total:CFr:PT:Ser/Plas:Qn:Electrophoresis** **9642-0|Creatine Kinase.BB/Creatine kinase.total:CFr:PT:Ser/Plas:Qn**
NFr	Anzahl Anteile **10602-1|Spermatozoa.abnormal head/100 spermatozoa:NFr:PT:Semen:Qn** **764-1|Neutrophils.band form/100 leukocytes:NFr:PT:Bld:Qn:Manual count**
MFr	Massenanteile **2614-6|Methemoglobin/Hemoglobin.total:MFr:PT:Bld:Qn**
SFr	Substanzanteile **4546-8|Hemoglobin A/Hemoglobin.total:MFr:PT:Bld:Qn**
VFr	Volumenanteile **4545-0|Hematocrit:VFr:PT:Bld:Qn:Spun**

3.) Verhältnis (Ratio [RTO]). Verhältnis Komponente A zu Komponente B im System 1.

Ergänzend:

CCRto	Katalytisches Konzentrationsverhältnis **2325-9|Gamma glutamyl transferase/Aspartate aminotransferase:CCrto:PT:Ser/Plas:Qn**
SCRto	Konzentrationsverhältnis Substanz **2958-7|Sodium/Potassium:ScRto:PT:Sweat:Qn**

MCRto Konzentrationsverhältnis Masse
2768-0|Phenylalanine/Tyrosine:MCrto:PT:Ser/Plas:Qn

NRto Verhältniszahl
11138-5|Myeloid cells/Erythroid cells:NRto:PT:Bone mar:Qn

TRto Zeitverhältnis
6302-4|COAGULATION TISSUE FACTOR INDUCED.NORMAL/ACTUAL:TRTO:PT:PPP^PATIENT:QN

VelRto Geschwindigkeitsverhältnis
12022-0|Resistivity index:VelRto:PT:Uterine artery.right:Qn:Doppler.calculated

VRatRto Volumenverhältnisverhältnis
29462-9|Pulmonic flow/Systemic flow:VRatRto:PT:Circulatory system.XXX:Qn:US.doppler

Ratio Verhältnis
1811-9|Amylase/Creatinine renal clearance:Ratio:24H:Urine:Qn

Achtung: Berechnungen zu CSF/Serum-Protein sind kein “Quotient” (Verhältnis), da die untersuchten Komponenten **nicht** dem gleichen System angehören. Die Art der Eigenschaft ist eine *relative Massenkonzentration*, RlMCnc (siehe unten).

Achtung: Wenn die Einheiten im Nenner und Zähler beides Massen sind (z. B. mg/g), setzen Sie MCRto ein:

13719-0|Carnitine/Creatinine:MCrto:PT:Urine:Qn

Wenn die Einheiten im Nenner und Zähler beides Substanzen sind (z.B. mmol/mol) setzen Sie SCRto ein.

22695-1|Carnitine/Creatinine:ScRto:PT:Urine:Qn

Wenn die Einheiten im Nenner und Zähler unterschiedlich sind (nmol/g) setzen Sie RATIO (Verhältnis) ein.

17866-5|Carnitine/Creatinine:Ratio:PT:Urine:Qn

4.) Relativitäten (REL/RL) Relative Menge der Komponente A in System 1 verglichen der mit System 0.

Ergänzend:
REL sollte immer dann eingesetzt werden, wenn eine Messung durch eine Messung geteilt durch einen Normal- oder Kontrollwert vorgenommen wird. Ebenso wenn ein Quotient durch die Teilung von gemessenen Substanzen in Serum und der gleichen Substanz in CSF, Urin, usw. gebildet wird.

RelMCnc Relative Massenkonzentration (wie vorab vermerkt)
2858-9|Protein.CSF/Protein.serum: RelMCnc**:PT:Ser+CSF:Qn**
3235-9|Coagulation factor XII Ag actual/Normal: RelMCnc**:PT:PPP:Qn:Imm**

RelTime	Relative Zeit **3232-6|Coagulation factor XII activity actual/Normal:**RelTime**:PT:PPP:Qn:Coag**
RelCCnc	Relative Katalyse Konzentration **28660-9|Plasminogen actual/Normal:RelCCnc:PT:PPP:Qn:Chromo**
RelRto	Relatives Verhältnis **20450-3|Alpha-1-fetoprotein multiple of the median:RelRto:PT:Ser/Plas:Qn**
RelVol	Relatives Volumen **19853-1|Capacity.inspiratory.bs/Capacity.inspiratory.preop:RelVol:PT:Respiratory system:Qn:Spirometry**
ReLVRAT	Relative Volumen Rate **20161-6|Voluntary ventilation.max^post bronchodilator/MVV:predicted:RelVRat:PT:Respiratory system:Qn**

5.) Cmplx. Weitere Teilungen einer Messung durch eine andere, die nicht durch oben genannte Regelungen abgedeckt sind, werden als solche mit komplexen Eigenschaften charakterisiert (Complex [Cmplx]). Die exakte Formel für die Berechnung der Menge muss explizit dargestellt werden.

6.) Zufalls-Werte (ARBITRARY). Zufällige Konzentrationen von Items. Wenn **nicht** die Aktivität eines Enzyms gemessen wird, dann sind die Maßeinheiten und Eigenschaften wie folgt:

mögliche Werte	Eigenschaft	Skala
Einheiten/ml, IU/ml, etc.	ACNc	Qn
Einheiten/gm, IU/gm, etc.	ACNt	Qn
Einheit/min, IU/24 hr, etc.	ARat	Qn
Ohne Einheiten (Patient/Kontrolle)	AFr	Qn

Wenn Untersuchungen für vorhanden/nicht vorhanden durchgeführt, oder wenn eine Messung an einer Komponente beauftragt wird, ist ACNC ebenso die korrekte Angabe zusammen mit der Skala ORD.

ACHTUNG: Erfolgt jedoch eine Enzymaktivitätsmessung, dann gelten folgende Maßeinheiten und Eigenschaften:

mögliche Werte	Eigenschaft	Skala
IU/ml, Einheiten/ml etc.	CCnc	Qn
IU/gm, Einheiten/gm, etc.	CCnt	Qn
IU/24 hr, Einheit/min, etc.	CRat	Qn
Ohne Einheiten (Patient/Kontrolle)	CFr	Qn

7.) Bei einer der Eigenschaft Titr ist die Skala stets Qn.

Für sämtliche X-Antikörper oder -Antigene

Mögliche Werte	Eigenschaft	Skala
<1:2, 1:4, 1:8...	Titr	Qn

8.) Für:

Alle X-Antikörper oder -Antigene

Mögliche Werte	Eigenschaft	Skala
Neg, unbestimmt, pos	ACnc	Ord
1+, 2+, 3+, ...	ACnc	Ord
<1:2, 1:4, 1:8...	Titr	Qn
Neg, 1:4, 1:8, ...	Titr	Qn
Neg, 0.90, …	ACnc	Qn (EIA Einheiten)

9.) Umfangreiche Auswertungen mit Werten aus einem finiten Set mit Kodes ohne Rangordnung (unabhängige Kodes) haben die Eigenschaft PRID (oder TYPE) und eine NOM-Skala. Für umfangreiche Messungen mit Werten aus einem finiten Set mit Kodes ohne Rangordnung ist die Eigenschaft die extensive Eigenschaft an sich und ihre Skala ist NOM.

Intensive Eigenschaften	Mögliche Werte (codiert)	Eigenschaft	Skala
Identifizierter Erreger	*E. coli*, *S. aureus*, etc.	Prid	Nom
ABO Gruppe	A, B, AB, O	Prid	Nom
Chirurgie	Cholezystektomie	Prid	Nom
(Zusammenfassung)	Blinddarmoperation		

Extensive Eigenschaften	Mögliche Werte (codiert)	Eigenschaft	Skala
Farbe Urin	dunkel, hell, etc.	Color	Nom
Trübung Urin	unklar, trübe, undurchsichtig	Turbidity	Nom

10.) Umfangreiche Auswertungen mit Werten aus einem finiten Set mit Kodes ohne Rangordnung beruhen auf der Eigenschaft “Freier Text” (oder ein Absatz) mit den Eigenschaften Prid, Find und die Skala ist Nar, um zu veranschaulichen, dass das Ergebnis der Messung aus Freitext besteht. Für Umfangreiche Auswertungen mit Werten aus einem finiten Set mit Kodes ohne Rangordnung (oder ein Absatz), besteht die Eigenschaft aus der extensiven Eigenschaft an sich und die Skala ist NAar.

Intensive Eigenschaften	**Mögliche Werte (Text)**	**Eigenschaft**	**Skala**
Identifizierter Erreger	*E. coli*, *S. aureus*, etc.	Prid	Nar
ABO Gruppe	A, B, AB, O	Prid	Nar
Chirurgie	Cholezystektomie	Prid	Nar
(Zusammenfassung)	Blinddarmoperation		

Extensive Eigenschaften	**Mögliche Werte (codiert)**	**Eigenschaft**	**Skala**
Farbe Urin	dunkel hell, etc.	Color	Nar
Trübung Urin	unklar, trübe, undurchsichtig	Turbidity	Nar

11.) Imp repräsentiert eine Eigenschaft, bei der die Evaluation auf einer gedanklichen Abstraktion beruht, die wiederum auf einer Reihe Messungen und Daten zurückzuführen ist. Wenn z. B. mehrere Messungen für Immunoglobulin in Serum und CSF im Rahmen einer Profiluntersuchung zu einer *Myasthenia gravis* vorgenommen werden, und wenn nach allen weiteren Untersuchungen ein Pathologe zu dem Schluss kommt, dass die Gesamtheit aller gesammelten Daten tatsächlich dem Krankheitsbild entspricht, müsste die Diagnose des Pathologen folgendermaßen dargestellt werden (könnte aber auch als kodierter Wert dokumentiert werden):

Mögliche Werte (Text)	**Eigenschaft**	**Skala**
Myasthenie-Evaluation: keine Erkrankung/chronische Erkrankung	Imp	Nom

Eine Evaluation des Pathologen im freien Text oder in einem Informations-Abschnitt sieht wie folgt aus:

Mögliche Werte (Text)		**Eigenschaft**	**Skala**
yasthenie Evaluation	Keine Erkrankung, chronische Erkrankung	Imp	Nar

12.) Differenzierende Methoden werden ausschließlich angegeben, wenn alle fünf weiteren LOINC-Datenfelder identisch sind, aber durch den Einsatz unterschiedlicher Methoden Abweichungen aufgrund deren Empfindlichkeit oder Spezifizität auftauchen können.

13.) Besonderes Augenmerk muss auf die Differenzierung der Methode zur Endpunktfindung und der Eigenschaft gelegt werden. Wenn Natrium beispielsweise mit einer ionspezifischen Elektrode gemessen wird, so ist die Eigenschaft keine Spannungsdifferenz. Eine Spannungsdifferenz ist allenfalls eine Methode zur indirekten Messung der Natrium-Konzentration. Die richtige Eigenschaft wäre also eine *Konzentration*. Ähnlich verhält es sich bei vielen Antigenen und Antikörpern, die derzeit anhand einer „optischen Dichte“-Messung ermittelt und dokumentiert werden. Die tatsächlich untersuchte Eigenschaft ist eine zufällige Konzentration (ACnc)

und keine optische Dichte. Wenn es sich um eine Verhältnisuntersuchung in „optischen Dichten“ (wie bei Gliadin-Antikörper, Parvovirus-B19-Antikörper, usw.) handelt, die verglichen werden (Wert des Patienten dividiert durch einen Standardwert), sollte die Eigenschaft ACRto (Verhältniszahl zufälliger Konzentration) sein.

14.) ml/min/1.73sqM (Milliliter pro Minute auf 1.73 m^2 Körperoberfläche): Ähnlich der unmittelbar vorangehenden Position. Die Eigenschaft ist identisch wie bei ml/min/m²-Einheiten und sollte bei dieser Messung „areic volume rate“ (f*lächenbezogene Volumengeschwindigkeit*) genannt werden. Die Hierarchie der Einheiten sollte lauten: RateUnits->AreicVolumeRateUnits->ml/min/sqM. Und das Geschwister von ml/min/m² sollte ml/min/1.73m² sein.

Appendix F – Akronyme

In LOINC genutzte Akronyme

Acronym	Meaning
AC	Abdominal Circumference
ADL	Activities of Daily Living
AE	Anion Exchange protein
AP	Anterio-Posterior
APAD	AnteroPosterior Diameter of the Abdomen
AUT	Automated Ultrasound Testing
B2GP1	Beta 2 Glycoprotein 1
BD	Binocular Distance
BOR	Brachio-Oto-Renal
BPC	Biparietal Circumference
BPD	Biparietal diameter
CD	Cluster of differentiation
CDA	Congenital dyserythropoietic anaemia
CDB	Childhood Disability Benefits
cDNA	complementary DNA
CFst	Calorie Fast
CHAMPUS	Civilian Health and Medical Program of the Uniformed Services
Cine	Cinematographic
COC	Commission on Cancer
COPD	Chronic Obstructive Pulmonary Disease
CPT	Current Procedural Terminology
CRL	Crown-Rump Length
CSF	Cerebral spinal fluid
CW	Continuous wave
CyCD22	Cytoplasmic CD22
DBG	Donna Bennett-Goodspeed
DCIS	Ductal carcinoma in situ
DISIDA	Diisopropyliminodiacetic acid
DRG	Diagnostic Related Groups
DTPA	Diethylenetriamine pentaacetate
Dx	Diagnosis

Acronym	Meaning
ED	Emergency Department
EDD	Estimated Delivery Date
EEG	Electroencephalogram
EFW	Estimated Fetal Weight
EGD	Esophagogastro duodenoscopy
EKG	Electrocardiogram
EMS	Emergency Medical Service(s)
ENT	Ear, Nose Throat
ERCP	Endoscopic Retrograde Cholangiopancreatography
FL	Femur Length
FLACC	Face Legs Activity Cry Consolability
FNA	Fine needle
FTA	Fetal Trunk Area
GALOP	Gait disorder Autoantibody Late-age Onset Polyneuropathy
GSD	Gestational Sac Diameter
GSL	Gestatonal Sac Length
HC	Head Circumference
HCFA	Health Care Financing Administration
HIV	Human immunodeficiency virus
HIV-SSC	Sign and Symptom Check-List for Persons with HIV Disease
HL	Humerus Length
HLA	Human Leukocyte Antigen
HMPAO	Hexamethylpropyleneamine oxime
HTLV	Human T-cell Lymphotrophic Virus
HWL	Height Width Length
ICD	International Classification of Diseases
ICD9	International Classification of Diseases, Ninth Revision
ICD9-CM	International Classification of Diseases, Ninth Revision, Clinical Modification
ICD-O	International Classification of Diseases for Oncology
ID	Intradermal
INR	International normalized ratio
IOD	Inter Ocular Distance
KUB	Kidney-Ureter-Bladder
LHON	Leber hereditary optic neuropathy

Acronym	Meaning
LOINC	Logical Observation Identifiers Names and Codes
LVOT	Left Ventricular Outflow Tract
LW	Landsteiner-Wiener
LWT	Length Width Thickness
MAA	Microalbumin aggregate albumin
MEMS	Medication Event Monitoring System
MERSTH	Medical Event Reporting System-Total Health System
MIB-1	Mindbomb homolog 1
MIBG	Metaiodobenzylguanidine
MIC	Minimum inhibitory concentration
MLC	Minimum lethal concentration
MLO	Mediolateral oblique
MMA	Macro aggregate albumin
MVV	Maximum Voluntary Ventilation
NAACCR	North American Association of Central Cancer Registries
Ng	Nasogastric
NPI	National Provider Identifier
OFD	Occipital-Frontal Diameter
O-I BPD	Outer to Inner Biparietal Diameter
OmpC	Outer membrane porin of E coli
O-O BPD	Outer to Outer Biparietal Diameter
O-O TD	Outer to Outer Tympanum Diameter
OOD	Outer Orbital Diameter
PA	Postero-Anterior
PCP	Primary Care Physician
PEG	Polyethylene Glycol
PHQ	Patient Health Questionnaire
PISA	Proximal Isovelocity Surface Area
PSR	Peridontal Screening and Recording
PYP	Pyrophosphate
QAM	Quality Audit Marker
QID	Four times a day
RAST	Radioallergosorbent test
RFC	Residual Functional Capacity

Acronym	Meaning
RFLP	Restriction fragment length polymorphism
RUG	Resource Utilization Groups
SBT	Sequence based typing
SC	Sulphur colloid
SCL	Scleroderma
SEER	Surveillance Epidemiology and End Result
TAD	Transverse Abdominal Diameter
TC	Thoracic Circumference
TCD	Transverse Cerebellar Diameter
TD	Transaxial Diameter
TEC	Tubingen electric campimetry
TID	three times a day
TNM	Tumor, node, metastasis
TORCH	Toxoplasma, Rubella. Cytomegalovirus, Herpes Simplex Virus
TTD	Transverse Thoracic Diameter
TU	Tuberculin Units
VTI	Velocity Time Integral
VWF	von Willebrand Factor

Appendix H - LOINC-Komiteemitglieder

Name	Institution	Stadt/Staat/Land
Ray Aller	Integrated Regional Laboratories	Snellville, GA
John Baenziger	Indiana University Hospital,	Indianapolis, IN
Suzanne Bakken	Columbia School of Nursing	New York, NY
Pam Banning	3M	West Linn, OR
Rita Barsoum	Kaiser Permanente	Pasadena, CA
James Barthel	H. Lee Moffitt Cancer Ctr	Tampa, FL
Harold Beckala	Mayo Medical Laboratories	Rochester, MN
Dean Bidgood	Duke Medical Center	Durham, NC
Bruce Bray	University of Utah	Salt Lake City, UT
James Campbell	University of Nebraska	Omaha, NE
Jim Case	California Veterinary Diag Labs	Davis, CA
Jim Cimino	Columbia Presbyterian Med Center	New York, NY
Ronda Crist	ARUP Laboratories	Salt Lake City, UT
Robert Dolin	Mayo Foundation	Rochester, MN
James K Fleming	Laboratory Corp of America	Burlington, NC
Arden Forrey	University of Washington	Seattle, WA
Bill Francis	Augilent Technologies	Andover, MA
Pavla Frazier	University of Utah	Salt Lake City, UT
Alan Golichowski	Indiana Univ. Dept. of Medicine	Indianapolis, IN
Barry Gordon	C/NET Solutions	Berkeley, CA
Brian Griffin	Quest Diagnostics	Rutherford, NJ
Gil Hill	Hospital for Sick Children	Toronto, ON, Canada
Stan Huff	Intermountain Health Care	Salt Lake City, UT
William (Bill) Karitis	Department of Defence, U.S. Navy	Onley, MD
Ted Klein	Klein Consulting, Inc	Ridge, NY
Jeff Lamothe	USAF	Biloxi, MS
Dennis Leavelle	Mayo Medical Laboratories	Rochester, MN
Lee Min Lau	3M HIS	Salt Lake City, UT
Diane Leland	Riley Hospital for Children	Indianapolis, IN
Pat Maloney	Quest Diagnostics	Teterboro, NJ
Doug Martin	Roudebush VA Medical Center	Indianapolis, IN
Susan Matney	Intermountain Health Care	Salt Lake City, UT
Ken McCaslin	Quest Diagnostics	Collegeville, PA

Name	Institution	Stadt/Staat/Land
Clem McDonald	NLM Lister Hill National Center for Biomedical Communications	Bethesda, MD
Kathy Mercer	Regenstrief Institute	Indianapolis, IN
Deirdre O'Neill	National Medical Services Assoc	Willow Grove, PA
Judy Ozbolt	Vanderbilt University	Nashville, TN
Dan Pollock	Centers for Disease Control	Atlanta, GA
Rick Press	Oregon Health Sciences University	Portland, OR
Christine Raine	Parners Healthcare, Inc.	Brookline, MA
Angelo Rossi Mori	Instituto Tecnologie Biomediche	Rome, Italy
Margie Scott	Central AR VA Healthcare System	Little Rock, AR
Shawn Shakib	3M HIS	Salt Lake City, UT
John Stelling	World Health Organization	Geneva, Switzerland
Steve Steindel	CDC	Atlanta, GA
Jeff Suico	Eli Lilly & Co.	Indianapolis, IN
Anders Thurin	University Hospital	Linkoping, Sweden
Wayne Tracy	Health Patterns, LLC	Overland Park, KS
Daniel Vreeman	Regenstrief Institute/IUSHRS	Indianapolis, IN
Alex Tuszynski	Strategic Healthcare Group (VA)	Washington, DC
Margaret Vaughn	Partners HealthCare System, Inc.	Boston, MA
Larry West	ARUP Laboratories	Salt Lake City, UT
Thomas White	New York State Office of Mental Health	New York, NY
Warren Williams	CDC and Prevention	Atlanta, GA
Pat Wilson	3M HIS	Salt Lake City, UT

Literaturverzeichnis

[1] Forrey AW, McDonald CJ, DeMoor G, Huff, SM, Leavelle D, Leland D, Fiers T, Charles L, Stalling F, Tullis A, et. al.

The logical observation identifier names and codes (LOINC) database: A public use set of codes and names for electronic reporting of clinical laboratory results. Clinical Chemistry 1996;42:81-90.

[2] McDonald CJ, Huff SM, Suico JG, Hill G, Leavelle D, Aller R, Forrey A, Mercer K, DeMoor G, Hook J, Williams W, Case J, Maloney P. LOINC, a universal standard for identifying laboratory observations: A 5-Year update. Clinical Chemistry 2003;49:624-633.

[3] McDonald CJ, Park BH, Blevins L. Grocers, physicians, and electronic data processing. AMA Continuing Medical, Education Newsletter 1983;1:5-8.

[4] International Union of Pure and Applied Chemistry/International Federation of Clinical Chemistry. The Silver Book: Compendium of terminology and nomenclature of properties in clinical laboratory sciences. Oxford: Blackwell Scientific Publishers; 1995.

[5] Henry JB. Clinical Diagnosis and Management by Laboratory Methods. Philadelphia:W.B. Saunders; 1994.

[6] Burtis CA, Ashwood ER. Tietz Textbook of Clinical Chemistry, 2nd ed. Philadelphia:W.B. Saunders; 1994.

[7] McDonald CJ, Tierney WM. Computer-stored medical records. JAMA 1988;259:3433-40.

[8] Dick AS, Steen EB (editors). The computer based patient record. Washington DC: National Academy Press; 1991.

[9] Health Level Seven. An application protocol for electronic data exchange in healthcare environments. Version 2.3 Ann Arbor, MI: Health Level Seven, Inc.; 1997.

[10] ASTM E1238-94. Standard Specification for Transferring Clinical Observations Between Independent Computer Systems. Philadelphia: American Society for Testing Materials; 1994.

[11] McDonald CJ, Overhage JM, Dexter P, Takesue BY, Dwyer DM. A Framework for capturing clinical data sets from computerized sources. Ann Intern Med 1997;8:675-682.

[12] Health Level Seven Specification for Electronic Laboratory-based Reporting of Public Health Information. Final Guideline for Implementation. Centers for Disease Control and Prevention. October 1, 1997.

[13] Euclides Foundation International. EUCLIDES Laboratory Investigation Codes. Available from Dr. Georges DeMoor, Euclides Foundation International nv, Excelsioriaan 4A, B-1930, Zaventern, Belgium. Phone: 32 2 720 90 60.

[14] Mahon CR, Manuselis G (editors). Textbook of Diagnostic Microbiology. Philadelphia:W.B. Saunders; 1995.

[15] Walker RH. American Association of Blood Banks Technical Manual. 11th ed. Bethesda, MD: American Association of Blood Banks, 1993.

[16] Index Virum, [Internet]. New York: New York, Catalogue of Viruses Version 2, based on the 6th ICTV Report; c2002 [Updated 2007 July; cited 2008 June]. Available from: http://phene.cpmc.columbia.edu/.

[17] Stevens SS. Measurement, statistics, and the chemapiric view. Like the faces of Janus, science looks two ways – toward schematics and empirics. Science 1968;161:849-856.

[18] Tang YW, Procop GW, Persing DH. Molecular diagnostics of infectious diseases. Clin Chem 1997;11:2021-2038.

[19] Walker RH. American Association of Blood Banks Technical Manual. 11th ed. Bethesda, MD: American Association of Blood Banks, 1993.

[20] Euzéby J.P. List of bacterial names with standing in nomenclature: a folder available on the internet. Int J Syst Bacteriol 1997;47:590-592. (List of prokaryotic names with standing in nomenclature. [Update 2008 May 2, cited 2008 June]. Available from: http://www.bacterio.net).

[21] Antonarakis, SE, and the Nomenclature Working Group. Recommendations for a nomenclature system for human gene mutations. Human Mutation 1998;11:1-3.

[22] Beaudet AL, Tsui LC. A suggested nomenclature for designating mutations. Human Mutation 1993;2:245-248.

[23] ImmunoCAP Allergens [Internet]. Uppsala(Sweden): ImmunoCAP; c2006 [updated 2007 November 2; cited 2008 June]. Available from: http://www.immunocapinvitrosight.com/.

[24] Ballinger, PW, Frank, ED. 10th ed. Vol. 3 Merrill's atlas of radiographic positions and radiographic procedures. St. Louis:Elsevier Mosby; 2003.

[25] Dorland's Illustrated Medical Dictionary. 30th ed. Philidephia: Saunders/Elsevier; 2003.

[26] Bakken, S, et al. Evaluation of Clinical LOINC (Logical Identifiers, Names, and Codes) for Terminology Model for Standardized Assessment of Measures. JAMIA 7:2000; 529-538.